



UNIVERSIDADE FEDERAL DE SANTA CATARINA
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO
EM RECURSOS GENÉTICOS VEGETAIS



**SELEÇÃO RECORRENTE DE FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS EM
POPULAÇÃO COMPOSTA DE MILHO (*Zea mays* L.) PROCEDENTE
DE ANCHIETA - SC**

Florianópolis
Estado de Santa Catarina - Brasil
2006

**SELEÇÃO RECORRENTE DE FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS EM
POPULAÇÃO COMPOSTA DE MILHO (*Zea mays* L.) PROCEDENTE
DE ANCHIETA - SC**

VOLMIR KIST

Dissertação apresentada ao Programa de Pós-graduação em Recursos Genéticos Vegetais/Universidade Federal de Santa Catarina, como requisito parcial à obtenção do título de Mestre em Ciências com Área de concentração em Recursos Genéticos Vegetais.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. **Juliana Bernardi Ogliari**

Florianópolis
Estado de Santa Catarina - Brasil
2006

AGRADECIMENTOS

Ao programa de Pós Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, pela confiança depositada.

A professora Juliana Bernardi Ogliari pela presença cotidiana no desenvolvimento deste estudo, pela orientação, pela motivação em busca da excelência e amizade.

Ao professor Antônio Carlos Alves que sempre esteve acompanhando as atividades, dando orientações e subsídios oportunizados para a execução deste trabalho e amizade.

Ao professor Walter Simon de Boef pela colaboração e acompanhamento das atividades de pesquisa participativa.

A família dos agricultores Léo e Juleide Chenet, Névio Alceu e Zeni Folgiarini e João e Dalila Bertolet por ter oportunizado a condução dos experimentos em suas propriedades e pela amizade.

Ao colega e amigo Ivan José e Sandra Canci por ter cedido seu lar durante a minha estadia em Anchieta e ter contribuído para a condução das atividades dos experimentos e na organização as atividades.

Ao colega Adriano Canci pela colaboração e organização dos agricultores para participarem do projeto.

Aos colaboradores Márcia Teresinha Eli, Henrique Vianna e Silva, Loïsiana dos Santos, Alisson Martendal e Atayde Antônio Ratti os quais tiveram importante participação neste trabalho.

Aos demais professores e colegas do curso que de uma forma ou de outra contribuíram para este trabalho.

A meus pais Vunibaldo e Eli, e irmãos Diane, Denise, Viane e Deisi pelo amor e carinho.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq pelo apoio financeiro.

SUMÁRIO

LISTA DE ABREVIATURAS	XI
RESUMO	XII
ABSTRACT	XIV
1. INTRODUÇÃO	16
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	20
2.1. IMPORTÂNCIA ECONÔMICA DO MILHO	20
2.2. ORIGEM, EVOLUÇÃO E MELHORAMENTO GENÉTICO DO MILHO	22
2.3. VARIEDADES DE MILHO	25
2.4. RAZÕES PARA O MELHORAMENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO.....	26
2.5. MÉTODOS DE SELEÇÃO INTRAPOPULACIONAIS	28
2.6. FATORES ENVOLVIDOS NA ESTIMATIVA DO GANHO GENÉTICO.....	29
2.7. GANHO DE SELEÇÃO	32
2.7.1. GANHOS DIRETOS DE SELEÇÃO	32
2.7.2. RESPOSTA CORRELACIONADA OU GANHOS INDIRETOS DE SELEÇÃO	34
3. OBJETIVO.....	37
3.1. GERAL	37
3.2. ESPECÍFICOS	37
4. MATERIAL E MÉTODOS	38
4.1. MATERIAL VEGETAL	38
4.1.1. POPULAÇÃO COMPOSTA MPA1	38
4.1.2. OBTENÇÃO DAS FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS	39
4.2. ESTABELECIMENTO DOS CRITÉRIOS DE SELEÇÃO.....	40
4.3. DESCRIÇÃO DOS EXPERIMENTOS.....	41
4.4. AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS DE MEIO-IRMÃOS	42
4.5. ANÁLISES ESTATÍSTICAS.....	44
4.5.1. ANÁLISE DE VARIÂNCIA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS ESTATÍSTICO-GENÉTICOS ...	44

4.5.2. ANÁLISE DE COVARIÂNCIA E ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS ESTATÍSTICO-GENÉTICOS	47
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	50
5.1. DEFINIÇÃO DE CRITÉRIOS DE SELEÇÃO	50
5.2. ANÁLISE DE VARIÂNCIA	53
5.2.1. ANÁLISE GERAL DOS DADOS	53
5.2.2. ESTIMATIVAS DE PARÂMETROS ESTATÍSTICO-GENÉTICOS.....	57
5.2.3. PROGRESSO ESPERADO COM A SELEÇÃO DIRETA.....	72
5.3. ANÁLISE DE COVARIÂNCIA.....	80
5.3.1. CORRELAÇÕES FENOTÍPICAS, GENOTÍPICAS E DE AMBIENTE.....	81
5.3.1.1. GANHO INDIRETO A PARTIR DA SELEÇÃO DIRETA PARA PROD EM L1	81
5.3.1.1.1. CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS E TENDÊNCIAS DE GANHOS INDIRETOS DE SELEÇÃO EM L1	86
5.3.1.2. GANHO INDIRETO A PARTIR DA SELEÇÃO DIRETA PARA PROD EM L2.....	89
5.3.1.2.1. CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS E TENDÊNCIAS DE GANHOS INDIRETOS DE SELEÇÃO EM L2	95
5.3.1.3. GANHO INDIRETO A PARTIR DA SELEÇÃO DIRETA PARA PROD EM L3.....	97
5.3.1.3.1. CORRELAÇÕES GENÉTICAS ENTRE VARIÁVEIS E TENDÊNCIAS DE GANHOS INDIRETOS DE SELEÇÃO EM L3	100
5.4. CONSIDERAÇÕES FINAIS	103
6. CONCLUSÕES	106
TABELAS.....	107
BIBLIOGRAFIAS	147
ANEXOS.....	160

LISTA DE QUADROS

Quadro 1 – Resumo da Análise de Variância para Delineamento em Blocos Casualizados	45
Quadro 2 – Resumo da Análise de Covariância para Delineamento em Blocos Casualizados	48

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 – Relação das Abreviaturas das Variáveis e suas Respectivas Denominações.	108
Tabela 2 - Ordenamento de Características Avaliadas nos Experimentos de Famílias de Meio-Irmãos no Composto de Milho MPA1, Segundo a Percepção dos Agricultores de Cinco Municípios do Extremo Oeste Catarinense. Florianópolis – SC, CCA/UFSC, Maio de 2005.	109
Tabela 3.1 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 56 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L1), Safra 2004/2005.	110
Tabela 3.2 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 63 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L2), Safra 2004/2005.	111
Tabela 3.3 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 61 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L3), Safra 2004/2005.	112
Tabela 4.1 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L1. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.	113
Tabela 4.2 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L2. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.	113
Tabela 4.3 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L3. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.	114

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.....	115
--	-----

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.....	121
--	-----

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.....	127
--	-----

Tabela 6.1 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L1, Safra 2004/2005.	133
---	-----

Tabela 6.2 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}XY$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L2, Safra 2004/2005.	135
Tabela 6.3 - Estimativas dos Produtos Médios e Significâncias, Covariâncias dos resíduos ($\hat{\sigma}XY$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L3, Safra 2004/2005.	137
Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.	139

LISTA DE ABREVIATURAS

ASSO – Associação dos Pequenos Agricultores Produtores Plantadores de Milho Orgânico e Derivados

BAG - milho – Banco Ativo de Germoplasma de milho

CAPA III – Centro de Apoio aos Pequenos Agricultores

CENARGEN – Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia

CNPMS – Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo

EMBRAPA – Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária

FMI – Famílias de Meio-Irmãos

MPA – Movimento de Pequenos Agricultores

N_e – Tamanho Efetivo Populacional

NEABio – Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade

UFSC – Universidade Federal de Santa Catarina

IAC – Instituto Agronômico de Campinas

ESALQ – Escola Superior de Agricultura Luis de Queirós

P_o – População Original

S_o – População Endogâmica Base

S_1 – População Endogâmica de Primeiro Ciclo

De – Depressão Endogâmica

SINTRAF – Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar

SNPC – Serviço Nacional de Proteção de Cultivares

M1 e M2 – momento um e dois, respectivamente

ST – Seleção Truncada

RESUMO

A substituição de variedades locais de milho pelas variedades melhoradas inviabilizou o processo produtivo e econômico de muitas propriedades agrícolas que não puderam acompanhar a modernização da agricultura. Diante disso, alguns agricultores retornaram ao cultivo de variedades locais ou crioulas de milho, em busca de material mais adaptado a estes ambientes particulares de cultivo. O presente trabalho é parte de um processo cíclico de desenvolvimento de uma nova variedade de polinização aberta, iniciado a partir de uma população composta de Anchieta, denominada MPA1, desenvolvido por um agricultor do município. O primeiro ciclo de seleção conduzido neste trabalho foi baseado no método de seleção recorrente convergente-divergente intrapopulacional proposto por Lonquist, porém usando famílias de meio-irmãos como unidade de seleção e recombinação. Os caracteres usados como critérios de seleção foram estabelecidos pelos agricultores da região Oeste Catarinense. A definição de uma estratégia adequada para a seleção simultânea de caracteres, que atendesse aos interesses particulares desses agricultores, foi à base para o início desse trabalho. Foram conduzidos três experimentos em blocos ao acaso, em três propriedades de agricultores. Em cada propriedade foram avaliados 64 tratamentos em três repetições, para 18 caracteres fenotípicos definidos por agricultores da região. Foram conduzidas análises de variância individuais para cada caráter, em cada um dos três locais, dentre os quais, 11 apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) entre os tratamentos. Para estas variáveis, o ganho direto de seleção, a partir da seleção truncada de 25% das famílias de meio-irmãos, foi estimado em 3,65%, 5,95% e 5,48% para a produtividade de grãos (PROD); 2,82%, 4,76% e 5,72% para diâmetro de colmo (DCO); 4,93%, 3,77% e 5,60% para número de fileiras de grãos espiga⁻¹ (NFG); 9,72%, 7,02% e 7,21% para posição da espiga na colheita (PEC); -4,99%, -5,75% e -5,15% para altura de planta (APL); 26,16%, 14,05% e 20,26% para quantidade de raízes adventícias (QRA); 5,41%, 6,01% e 3,21% para número de grãos fileira⁻¹ (NGF); 5,93%, 7,58% e 5,16% para comprimento de espiga (CES); -6,37%, -5,16% e -3,87% para ângulo entre a folha e o caule (ALC);

-11,83%, -15,58% e -13,36% para número de ramificações secundárias do pendão (RSP) e -3,94%, -3,48% e -1,13% para dias da emergência até a liberação de pólen (CIC), para os locais 1, 2 e 3 respectivamente. Para estas mesmas variáveis, a partir da análise de covariância, foram estimados os coeficientes de correlação genética, fenotípica, de ambiente e os ganhos indiretos de seleção entre pares de variáveis. Foram observados coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) significativos ($\alpha \leq 0,05$) entre PROD com as variáveis QRA (-0,77), DCO (-0,76), NGF (0,60) e CIC (-0,65) no local 1; PROD com ALC (0,42), QRA (-0,67), APL (0,28), NFG (0,34), NGF (0,57), CES (0,09) e PEC (-0,28), no local 2, e; PROD com ALC (0,35), DCO (0,61) NGF (0,70) e CES (0,53), no local 3. As estimativas dos ganhos indiretos de seleção das variáveis cujos coeficientes \hat{r}_g foram significativos ($\alpha \leq 0,05$) com PROD, estimados a partir da seleção truncada, corresponderam a -13,69% (QRA), -1,66% (DCO), 2,31% (NGF) e -1,53% (CIC), no local 1; em 1,66% (ALC), -8,26% (QRA), 1,14% (APL), 0,94% (NFG), 2,64% (NGF), 0,48% (CES) e -2,94% (PEC), no local 2 e; em 1,07% (ALC), 2,38% (DCO), 1,97% (NGF) e 1,98% (CES), no local 3. Em razão das combinações entre PROD com QRA e DCO, no local 1, PROD com ALC, QRA, APL e PEC, no local 2, e PROD com ALC, no local 3 terem apresentado coeficientes \hat{r}_g de sentido inverso ao interesse dos agricultores, sugere-se a adoção de índices de seleção com a devida ponderação das variáveis para promover o melhoramento simultâneo dos principais atributos destacados como prioritários pelos agricultores.

ABSTRACT

The substitution of local varieties of maize by improved varieties invalidated the productive and economic processes of many agricultural properties that could not accompany the modernization of agriculture. Faced with this, some farmers returned to the cultivation of local or creole varieties of maize, searching for substances more adapted to these particular cultivation environments. The present work is part of the cyclical process of development of a new open-pollinated variety, called MPA1, initiated by a composite population of Anchieta and developed by a farmer from the municipality. The first selection cycle conducted in this work was based on the recurrent convergent-divergent intrapopulational selection proposed by Lonquist, but using half-sib as a unit of selection and recombination. The characteristics used as criteria for selection were established by the farmers of the western region of Santa Catarina. The definition of a suitable strategy for the simultaneous selection of characteristics, which served the particular interests of these farmers, was the basis for the start of this work. Three randomly chosen block-type experiments were carried out on three farm properties. On each property, 64 treatments, repeated three times, for 18 phenotypic characteristics, were evaluated. Individual variance analysis for each characteristic was performed at each of the three locations, among which 11 presented significant ($\alpha \leq 0.05$) differences among the treatments. For these variables, the direct selection gain from the truncated selection of 25% of the half-sib was estimated, for locations 1, 2 and 3, respectively, at 3.65%, 5.95% and 5.48% for grain yield; 2.82%, 4.76% and 5.72% for stalk diameter; 4.93%, 3.77% and 5.60% for number of grain rows spike⁻¹; 9.72%, 7.02% and 7.21% for ear position at harvest; -4.99%, -5.75% and -5.15% for plant height; 26.16%, 14.05% and 20.26% for number of adventitious roots; 5.41%, 6.01% and 3.21% for number of grains row⁻¹; 5.93%, 7.58% and 5.16% for ear length; -6.37%, -5.16% and -3.87% for angle between leaf and stalk; -11.83%, -15.58% and -13.36% for number of secondary tassel ramifications and -3.94%, -3.48% and -1.13% for days from emergence to the pollen release. The genetic, phenotypic and environment

correlation coefficients and the indirect selection gains between pairs of variables were estimated, based on the covariance analysis for these variables. Significant ($\alpha \leq 0.05$) coefficients of genetic correlation (\hat{r}_g) were observed among grain yield, with the variables; number of adventitious roots (-0.77), stalk diameter (-0.76), number of grains row⁻¹ (0.60) and days from the emergence until pollen release (-0.65) in location 1; grain yield with angle between leaf and stalk (0.42), number of adventitious roots (-0.67), plant height (0.28), number of grain rows spike⁻¹ (0.34), number of grains row⁻¹ (0.57), ear length (0.09) and ear position at harvest (-0.28), in location 2, and; grain yield with angle between leaf and stalk (0.35), stalk diameter (0.61) number of grains row⁻¹ (0.70) and ear length (0.53), in location 3. The estimates of the indirect selection gains of the variables whose coefficients \hat{r}_g were significant ($\alpha \leq 0.05$), with grain yield estimated from the truncated selection, corresponded to: -13.69% (number of adventitious roots), -1.66% (stalk diameter), 2.31% (number of grains row⁻¹) and -1.53% (days from the emergence until pollen release), in location 1; 1.66% (angle between leaf and stalk), -8.26% (number of adventitious roots), 1.14% (plant height), 0.94% (number of grain rows spike⁻¹), 2.64% (number of grains row⁻¹), 0.48% (ear length) and -2.94% (ear position at harvest), in location 2 and; 1.07% (angle between leaf and stalk), 2.38% (stalk diameter), 1.97% (number of grains row⁻¹) and 1.98% (ear length), in location 3. The relationships of grain yield to adventitious roots and stalk diameter in location 1, grain yield to angle between leaf and stalk, adventitious roots, plant height and ear position at harvest in location 2, and grain yield to angle between leaf and stalk in location 3 have presented coefficients \hat{r}_g that demonstrate an inverse relationship to the interests of the farmers. These results suggest that the adoption of a selection index with a fair weighting of the variables, as identified by the farmers, would promote a simultaneous improvement in the main attributes given priority by them.

1. INTRODUÇÃO

A partir da modernização da agricultura no País, grande parte do germoplasma constituído pelas variedades tradicionais de milho foi substituída pelos cultivares modernos, tendo como consequência à aceleração do processo de perdas dos recursos fitogenéticos relacionados a esta cultura (Machado, 1998).

A partir desse período, foi iniciada uma corrida incessante de empresas privadas e públicas para o desenvolvimento de cultivares híbridos com alto potencial para a produtividade de grãos. O desenvolvimento de variedades de alta resposta fez com que os agricultores ficassem cada vez mais estimulados em obter grandes rendimentos mediante a busca de recursos energéticos externos à propriedade. Esta atitude por parte dos agricultores acabou inviabilizando o processo econômico de muitas propriedades agrícolas. Ao longo deste processo de adesão às novas tecnologias, muitos desses pequenos agricultores, habitantes de ambientes marginais (FAO, 2004), acabaram sendo excluídos dos programas de assistência técnica e pesquisa.

Ainda há de ser considerado, que para uma parte significativa desses produtores rurais, o valor de um cultivar de milho não é definido apenas pelo rendimento de grãos, mas também pelo potencial de uso de outras partes da planta (Almekinders & Elings, 2001; Alves et al., 2004a). Desta forma, o cultivo de variedades crioulas e locais que atendam as necessidades regionais e comerciais, pode ser uma alternativa mais adequada, já que estas são mais adaptadas aos ambientes de relevo acidentado e de limitada fertilidade.

Diante da necessidade de obtenção de variedades de milho mais adaptadas aos variados sistemas de cultivo e condições de ambiente, muitos pequenos agricultores têm recorrido às variedades locais e crioulas de milho para atender a demanda desse produto na propriedade. O valor adaptativo singular dessas variedades às condições de ambiente adversas, viabiliza sistemas de produção mais sustentáveis, menos dependentes dos pacotes tecnológicos e mais ajustados à preservação dos recursos naturais (Ogliari et al., 2004a).

O extenso período de tempo dedicado pelos agricultores tradicionais ao uso, manejo e conservação desses recursos vegetais, bem como a influência da seleção natural, são os fatores determinantes da estabilidade produtiva e da adaptação destas variedades frente aos fatores bióticos e abióticos dos ambientes particulares de onde procedem (Ogliari et al., 2004a).

A ameaça a sustentabilidade do modelo agrícola e de conservação desses recursos genéticos fez com que muitas organizações não-governamentais nacionais e internacionais alertassem para a importância de se realizar programas de conservação e melhoramento junto aos agricultores, principalmente, por órgãos públicos (Rice et al., 1998). Em decorrência disso, a comunidade científica sentiu-se motivada a desenvolver atividades de pesquisa relacionadas à caracterização morfológica, fenológica e agrônômica das variedades locais e crioulas, visando à definição de estratégias mais apropriadas de conservação, melhoramento e uso desses recursos genéticos e que fossem acopladas às atividades dos pequenos agricultores (Ogliari et al., 2004a).

O sistema de produção agrícola da região Sul do Brasil, particularmente, no município de Anchieta-SC, está baseado no sistema de agricultura familiar, onde ainda é possível encontrar pequenos agricultores que mantêm suas variedades locais, em geral, para o consumo na propriedade (Alves et al., 2004a; Ogliari et al., 2004b). É importante destacar que cerca de 40% das propriedades agrícolas desse município ainda cultivam variedades locais de milho (Canci et al., 2004).

A busca por alternativas, capazes de garantir a autonomia na produção de sementes, tem sido uma importante estratégia utilizada por estes agricultores. Diante dessa necessidade, a Associação dos Pequenos Agricultores Plantadores de Milho Orgânico e Derivados (ASSO) de Anchieta, inicialmente assessorados pelo Sindicato dos Trabalhadores na Agricultura Familiar (SINTRAF) e pelo Centro de Apoio aos Pequenos Agricultores (CAPA III), deram início a um processo de produção de sementes a partir das variedades locais (Ogliari et al., 2004a).

O melhoramento genético das populações locais de milho aparece como outra necessidade destas comunidades e, assim, o processo de produção de sementes passa a ser conduzido, simultaneamente com a seleção pelo método

massal estratificado. Embora fosse muito clara a necessidade de melhorar esta prática (Ogliari et al., 2004a), das 1096 famílias de agricultores de Anchieta, 539 chegaram a produzir 24 toneladas de sementes crioulas de milho (Canci, 2002). No entanto, até recentemente, ainda faltava o compromisso de qualquer organização externa, no sentido de oferecer assistência para o desenvolvimento de trabalhos científicos para a análise e desenvolvimento destes recursos genéticos (Ogliari et al., 2004a).

A partir dessa necessidade, foi estabelecida uma parceria de trabalho entre a ASSO, SINTRAF e o Núcleo de Estudos em Agrobiodiversidade (NEABio) do Departamento de Fitotecnia da UFSC. Após o estabelecimento da parceria, foram iniciadas atividades de caracterização de 33 variedades locais de milho que haviam sido resgatados pelo SINTRAF, junto aos agricultores dos municípios de Anchieta-SC e Palma Sola-SC (Ogliari et al., 2004a).

Nos dois primeiros anos de avaliações, algumas variedades se mostraram promissoras, inclusive quanto ao potencial de rendimento de grãos. Dentre estas, o composto MPA1 foi um dos destaques, alcançando a produtividade de 6,9 t ha⁻¹ na safra 2002/2003 e 7,2 t ha⁻¹ na safra 2003/2004 (dados ainda não publicados). Isso motivou os agricultores da ASSO a explorar melhor o potencial de algumas dessas variedades de milho (Alves et al., 2004b; Ogliari et al., 2004a).

Inicialmente, foram organizados encontros com técnicos e agricultores ligados a ASSO e ao SINTRAF, com a finalidade de definir os atributos desejáveis para uma variedade de milho destinada ao uso local. Pelo fato de muitas das características citadas pelos agricultores serem controladas pela ação de vários genes de pequeno efeito fenotípico e significativamente afetados pelo ambiente (características quantitativas), ficou claro que o método de seleção massal estratificada, que estava sendo utilizado por esses agricultores, seria inadequado para a obtenção de melhorias em curto prazo.

Com base nisso, o presente projeto se propôs a realizar um ciclo de seleção recorrente convergente - divergente de famílias de meio-irmãos a partir da população de milho MPA1, como parte do processo cíclico de desenvolvimento de uma nova população, que além de melhorada agronomicamente, também seja

adaptada às condições locais de ambiente e manejo. Para aumentar a eficiência do processo de seleção, além do conhecimento científico pertinente para o desenvolvimento deste estudo, também recorreu-se ao conhecimento local dos agricultores. Para tanto, a avaliação e seleção dos genótipos superiores foram realizadas com base na análise de famílias de meio-irmãos submetidas em condições experimentais. O aspecto inovador desse trabalho está relacionado ao fato da implantação, condução e avaliação do experimento terem sido efetuadas com a participação dos agricultores das comunidades do município de Anchieta, mediante estratégias de seleção comumente utilizadas em programas de melhoramento institucionais conduzidas por pesquisadores.

Considerando que a promoção da agricultura familiar mediante o acesso a sementes de boa qualidade, suporte técnico e resultados de pesquisa, sejam essenciais para a diminuição dos índices de pobreza (Andersen-Pinstrup, 2003), entende-se que o cultivo de variedades locais melhoradas para estes agroecossistemas particulares, seja uma estratégia apropriada para estimular estes pequenos agricultores a conservarem este germoplasma em suas propriedades.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. Importância Econômica do Milho

O milho é um dos cereais de maior importância na economia mundial, devido às múltiplas formas de uso, como um dos componentes essenciais da alimentação animal, principalmente, de aves e suínos, como alimento humano, bem como nas indústrias de alta tecnologia, usado como matéria-prima para uma gama extensa de produtos (Macagnan, 1995).

No Brasil, o grão de milho usado para alimentação animal representa uma variação de 70% a 80% da produção nacional (Embrapa, 2000). O crescimento da demanda de milho em aplicações industriais no país acompanhou o crescimento da produção de suínos e aves (Duarte, 2004). Apesar do milho em grão não ter uma participação muito grande no uso alimentar humano, derivados deste constituem um fator importante de uso para povos de baixa renda.

Na safra agrícola 2003/2004, foram produzidos 42,18 milhões de t, volume 11,0% menor do que o da safra 2002/2003 (47,41 milhões de t), o que tem posicionado o Brasil como o terceiro maior produtor mundial, ficando atrás dos Estados Unidos e da China (FAO, 2004). Mesmo sendo um dos maiores produtores, a produtividade média no país é de apenas 3.703 kg ha⁻¹ (IBGE, 2004).

A partir de 2002/2003, o consumo de milho no país aumentou diante da redução de produção, o que tem provocado um déficit. Na safra agrícola 2004/2005, foram produzidas apenas 34,77 milhões de t, e consumidas 39,50 milhões de t (ICEPA, 2005).

Além de ser um importante *commodity*, o milho também tem relações com aspectos sociais e culturais, representando a base da sustentabilidade para muitas famílias rurais (Kirino, 2003). Em nível nacional, do total de agricultores que cultivam milho, 30,8% cultivam menos de um hectare, o que representa apenas 1,89% da produção (Duarte, 2004).

Outro dado importante revela que, cerca de 60% dos estabelecimentos envolvidos com a produção de milho no Brasil, consomem esse produto na propriedade. Apesar do elevado percentual, estes representam apenas 25% da produção nacional de milho (IBGE, 1996). Estes índices demonstram que a conservação e o uso sustentável dos recursos da agrobiodiversidade são estratégias fundamentais para a produção de alimento para muitas comunidades de agricultores (FAO, 2004).

No Estado de Santa Catarina, o panorama da cultura do milho apresenta-se muito semelhante aos índices nacionais, pelo fato da agricultura catarinense caracterizar-se pelo elevado número de pequenas unidades agrícolas familiares. Na safra agrícola 2004/2005, a área cultivada com milho em Santa Catarina foi de 795.845 ha, a partir da qual foram produzidos 2,79 milhões de t, o que correspondeu à produtividade média de 3.500 kg ha⁻¹. Nesta mesma safra agrícola, considerando a relação oferta/demanda, a produção de milho e substitutos alcançou 2,87 milhões de t e o consumo de 4,78 milhões de t, o que representa um déficit de produção de 1,91 milhões de t (ICEPA, 2005).

Da área cultivada com essa cultura, 58% foi implantada por agricultores que cultivavam até 10 ha de milho, sendo que estes consumiam cerca 62% da produção na propriedade. Estes dados demonstram a estreita ligação entre a cultura do milho e os pequenos agricultores (Censo Agropecuário/SC, 1996).

Alguns municípios do Estado de Santa Catarina têm evidenciado bem estes índices, basicamente pelas características intrínsecas do local relativo à topografia, condições físico-químicas de solo e clima, aliado a etnia do povo local. Dentre esses municípios localizados no Extremo Oeste Catarinense, Anchieta se destaca pelo predomínio de pequenas propriedades agrícolas, onde mais de 73% dos estabelecimentos possuem áreas inferiores a 20 ha (Vogt, 2005). Os agricultores que cultivam até 10 hectares de milho representam mais de 60% da área cultivada com a cultura e consomem mais da metade da produção na propriedade (Censo Agropecuário/SC, 1996). Mesmo assim, essa cultura representa a mais importante fonte de renda desses agricultores (Vogt, 2005).

Anchieta também se destaca particularmente como produtor de variedades locais de milho, o que lhe conferiu o título de “Capital Catarinense do Milho Crioulo”, conforme projeto de lei número 466/99 aprovado pela Assembléia Legislativa de Estado de Santa Catarina (Canci, 2002).

Além disso, a cultura do milho ainda envolve outros fatores de importância econômica que ainda não são mensuráveis. Entre os mais importantes destaca-se: o inestimável valor genético das variedades locais e crioulas, usadas para o desenvolvimento de novas variedades mais adaptadas aos diferentes locais de cultivo; o resgate de genes para características de interesse; o valor da conservação e uso dos genótipos pelos povos de classe social oprimida; a confiável forma de produzir alimento sob condições adversas de clima e solo; a ampla distribuição temporal e espacial desta cultura (Udry, 2000).

2.2. Origem, Evolução e Melhoramento Genético do Milho

O milho é originário da América Central e tem sido desenvolvido nos últimos oito mil anos (Paterniani et al., 2000), sendo uma das culturas mais importantes das civilizações asteca, maia e inca. Sobre a origem do milho, a teoria mais aceita é que tenha se originado do teosinte. Ambos possuem $n=10$ cromossomos, os quais são homólogos e se cruzam facilmente, resultando em produtos férteis e semelhantes ao milho e/ou teosinte, com pequenas diferenças gênicas. Provavelmente, é a espécie que possui maior variabilidade genética entre todas as plantas cultivadas, decorrente de alterações nas frequências gênicas, que ocorreram durante o processo evolutivo (Paterniani & Campos, 1999).

Na América do Sul, o milho era cultivado pelos indígenas sob diferentes condições, épocas de semeadura e altitudes, principalmente, pela grande variabilidade genética existente e especificidade desenvolvida pela cultura em ambientes específicos. Na sequência, variedades de milho indígenas foram melhoradas pelos povos ocidentais do hemisfério Norte, que desenvolveram as primeiras raças comerciais, que mais tarde foram re-introduzidas na América do Sul, dando origem as nossas raças recentes (Paterniani et al., 2000).

Por volta de 1915, ocorreu uma introdução de milho no Brasil procedente da América do Norte, que foi cultivada e cruzada com o milho local. A partir desses cruzamentos, foram produzidas muitas variedades que foram, posteriormente, disseminadas pelo País. Na sequência desse período, os agricultores deram início ao processo de seleção simples, selecionando de suas lavouras as melhores espigas de plantas individuais (Paterniani & Campos, 1999).

Em 1930, começaram os primeiros trabalhos de melhoramento de milho híbrido no Instituto Agrônomo de Campinas – IAC e na Universidade Federal de Viçosa – UFV. Em meio a este período, iniciou-se o resgate e conservação de germoplasma de milho pelas instituições públicas junto à agricultura familiar. Em 1937, o Departamento de Genética da Escola Superior de Agricultura Luís de Queiroz (ESALQ), em Piracicaba, iniciou os estudos de raças indígenas de milho (Viégas & Miranda Filho, 1978). Em 1952, foi criado na ESALQ o primeiro banco de germoplasma de milho do Brasil, no qual foram estocados materiais coletados da Argentina, Paraguai, Bolívia, Brasil e Guianas, totalizando 3.000 acessos, que serviram de base para os programas nacionais de melhoramento de milho (Machado, 1998). Em 1975, os acessos de milho da ESALQ foram transferidos para o Centro Nacional de Pesquisa de Milho e Sorgo (CNPMS), mediante suporte do Centro Nacional de Recursos Genéticos e Biotecnologia (CENARGEN). Desde então, trabalhos de regeneração, conservação em curto e longo prazo e de caracterização vêm sendo realizados pelo Banco Ativo de Germoplasma de Milho (BAG - milho), que também disponibiliza os materiais para intercâmbios com outras instituições (Machado, 1998; Paterniani & Campos, 1999).

Mesmo que os programas de melhoramento de cultivares híbridos tenham começado em 1930, os primeiros cultivares foram produzidos apenas em 1945 (Paterniani et al., 2000). Neste primeiro momento, os melhoristas tentaram reduzir a altura das plantas. Em etapa subsequente, as atenções se voltaram à formação de variedades de alta produtividade, teor de proteína e energia. Segundo o mesmo autor, essas variedades não tiveram boa aceitação no mercado de sementes, devido a pouca adaptação aos diferentes ambientes de cultivo. Mais tarde, outros programas de melhoramento surgiram a partir de trabalhos de

caracterização quanto à resistência ao frio e ao estresse hídrico, bem como a produção do milho ceroso, para ser utilizado na fabricação de amido. De maneira geral, os programas brasileiros de melhoramento genético sempre estiveram ligados à indústria de sementes de híbridos. A partir dos avanços da genética de populações, genética quantitativa e da estatística, o melhoramento de milho teve um grande impulso (Viégas & Miranda Filho, 1978).

Das décadas de 70 e 80 em diante, várias empresas e grupos multinacionais começaram a desenvolver material melhorado. Essas entidades geraram uma grande ampliação da base genética para o País mediante ações de coletas de variedades locais, formação de compostos, variedades melhoradas e sintéticas. O programa de melhoramento de variedades do CNPMS teve como objetivo atender o programa de sementes de híbridos, com foco em características exigidas pelo mercado de sementes. Foi durante esse período que se desenvolveu o processo conhecido como 'Revolução Verde', quando os conceitos básicos do melhoramento estavam voltados ao progressivo aumento de produtividade. Na década de 80, os programas de melhoramento aliaram a biotecnologia à filosofia da 'Revolução Verde', com o objetivo de melhorar a produtividade, qualidade nutricional, resistência a estresses bióticos e abióticos nas populações (Machado, 1998; Viégas & Miranda Filho, 1987).

Já na década de 90, o melhoramento aliado à indústria da biotecnologia, iniciou o desenvolvimento de plantas geneticamente modificadas e o registro desses caracteres via patentes (Machado, 1998) contrapondo-se, dessa forma, aos princípios da agricultura agroecológica, da preservação e uso sustentável da agricultura familiar. A forte relação do melhoramento genético de milho com o mercado de sementes, onde o valor econômico prevalece sobre os valores sociais e culturais, pode ter contribuído para a perda da variabilidade genética e para a ocorrência de desequilíbrios ambientais (Machado, 1998).

Na mesma década, após a realização de fóruns sociais e conferências em nível mundial sobre conservação e uso dos recursos genéticos vegetais, órgãos públicos, inclusive instituições de pesquisa, de forma consciente, passaram a adotar estratégias de pesquisa participativa para desenvolver a agricultura de

forma sustentável. Visando alcançar esse objetivo, especial atenção vem sendo dada às populações de milho local, cultivadas ao longo de muitos anos pela agricultura familiar.

2.3. Variedades de Milho

Variedades de polinização aberta caracterizam-se pelo predominante intercruzamento entre os indivíduos de uma dada população (Pacheco et al., 2002; Destro & Montalván, 1999). Quando melhoradas, são denominadas de variedades melhoradas de polinização aberta. Apresentam como características favoráveis, a maior estabilidade de produção e o menor custo inicial da semente (Bisognin et al., 1997). Melhoradas ou não, as variedades de polinização aberta possibilitam a reutilização de suas sementes pelos agricultores por vários anos agrícolas, sem perdas decorrentes de causas genéticas, tal como ocorre com sementes reutilizadas para o cultivo de cultivares híbridos.

As variedades locais e crioulas, também são variedades de polinização aberta, porém selecionadas ao longo de muitos anos por pequenos agricultores, em suas unidades de produção. As primeiras definições de variedades locais foram elaboradas por Mayr em 1934, apenas em 1974, após a II Guerra Mundial, novas versões sobre variedades locais, *landraces* e crioulos surgiram e, a partir disso, têm sofrido constantes modificações. Segundo Louette et al. (1997) citado por Ogliari et al., (2004a), variedades locais ou *landraces* são variedades que nunca passaram por um processo de seleção e melhoramento formal. Variedades crioulas, por sua vez, derivam de antigas variedades melhoradas, que após várias gerações de cultivo, tornam-se misturadas com as variedades locais (Bellon & Brush, 1994).

Segundo a FAO (1996), variedades locais ou crioulas diferem de cultivares modernas pelo fato destas últimas serem produto do melhoramento vegetal, conduzido pelo sistema formal ou científico, realizado por profissionais melhoristas, que trabalham em instituições de pesquisa privada ou pública. Por outro lado, variedades locais e crioulas são produtos da seleção e manejo

desenvolvido exclusivamente por agricultores ao longo de muitos anos de cultivo e pelas pressões de seleção impostas pelo ambiente (FAO, 1996).

Variedades locais autóctones, cultivadas por pequenos produtores rurais ao longo de muitos anos, têm sido especialmente destacadas como valiosas fontes de características. Podem ser definidas como populações cultivadas, distintas geograficamente ou ecologicamente, diversas em sua composição genética e adaptadas a condições agroclimáticas locais (Ogliari et al., 2004a). Em geral, apresentam altos níveis de variabilidade genética (Azar et al., 1997) e plasticidade, provavelmente pela contribuição da seleção natural durante o processo evolutivo da cultura. Diante destes aspectos favoráveis, é compreensível que esses recursos genéticos tenham despertado tanto interesse por parte das instituições de pesquisa, as quais, junto aos pequenos agricultores, têm buscado novos modelos de trabalho.

2.4. Razões para o Melhoramento Genético Participativo

É inquestionável o fato de que os cultivares de milho híbrido tenham contribuído para elevar significativamente a produtividade de grãos da cultura. No entanto, os melhores índices foram alcançados em países desenvolvidos, pelo fato de possuírem políticas agrícolas diferenciadas, enquanto nos países subdesenvolvidos, nem sempre foram encontradas condições favoráveis para explorar o potencial do milho híbrido em nível de pequeno agricultor (Machado, 1998).

O surgimento de pesquisas alternativas tem ocorrido, principalmente, em função da ineficiência dos cultivares híbridos, sob condições adversas de clima e solo. Além disso, as limitações sócio-econômicas dos pequenos agricultores, para adquirirem sementes geneticamente superiores, também têm sido apontadas como outra razão pela busca de novas alternativas (Büll & Cantarella, 1993).

Para que este segmento de agricultores seja atendido, é necessário inserir mudanças nas estratégias de ação dos programas de melhoramento convencionais. Nesse sentido, após o Plano de Ação Global, estabelecido na IV Conferência Técnica Internacional sobre Recursos Fitogenéticos (Leipzig/

Alemanha, 1996), começaram a surgir trabalhos de desenvolvimento participativo, em nível de pequena propriedade.

O sistema de cultivo adotado pelos pequenos agricultores tem contribuído muito para a manutenção da variabilidade genética peculiar às variedades tradicionais (Carvalho et al., 2004). No entanto, experiências obtidas no centro de origem do milho têm demonstrado que, se as empresas públicas não tivessem resgatado as variabilidades de milho e acondicionado em bancos de germoplasma, muito mais genótipos teriam sido perdidos (Smale et al., 2003).

Além da importância dos pequenos agricultores para a conservação desses recursos, também deve ser destacada sua imprescindível participação como agentes do desenvolvimento de variedades locais mais adaptadas (Ceccarelli et al., 2003). Nesse sentido, entende-se que o trabalho conjunto entre melhoristas e agricultores tem demonstrado ser uma forma eficiente de proporcionar ganhos genéticos mais rápidos, além de manter a variabilidade genética e conservação do pool gênico (Machado, 2001).

Os primeiros trabalhos participativos, envolvendo variedades de milho crioulo, foram originados do anseio dos agricultores em produzir sua própria semente. Estes foram intensificados à medida que os preços das sementes híbridas e dos insumos ficaram inviáveis para a condução de seus sistemas particulares de produção (Soares, 1998).

No Sul do País, trabalhos participativos de resgate e avaliação de variedades locais de milho vêm sendo realizados (Alves et al., 2004a; Alves et al., 2004b; Balbinot et al., 2004; Balbinot et al., 2005; Gusson; 1998; Kist et al., 2005; Ogliari et al., 2004a e 2004b; Silva, 1998). Os bons resultados obtidos a partir de ações participativas, em relação ao resgate, conservação, uso e melhoramento das variedades locais, devem-se, principalmente a habilidade de certos agricultores identificarem características de interesse a serem melhoradas, as quais, com frequência podem passar despercebidas, em processos exclusivamente formais de pesquisa.

2.5. Métodos de Seleção Intrapopulacionais

Seleção entre e dentro de famílias de meio-irmãos é o método de melhoramento intrapopulacional mais utilizado para a cultura do milho, em razão de sua simplicidade e eficiência (Matta & Vianna, 2003) e, também pela possibilidade da realização de um ciclo de seleção por ano, nos casos em que a seleção é efetuada apenas para um sexo. Por outro lado, quando a seleção e a recombinação são efetuadas no mesmo ano, o ganho genético corresponde à metade do ganho de seleção estimado, quando essas etapas são realizadas em momentos diferentes (Carvalho et al., 2003a).

A análise dos dados a partir dos descendentes obtidos das plantas-mães de uma população-base permite estimar a variância genética aditiva disponível nessa população e, em consequência, verificar quais as chances de êxito na seleção e quais alterações podem ocorrer na variabilidade genética, durante o desenvolvimento de sucessivos ciclos de seleção (Destro e Montalván, 1999). Além disso, para que a variabilidade genética de uma determinada população que esta sendo melhorada seja mantida em certo grau que a possibilite de ser cultivada em uma área relativamente extensa, fazer uso de um processo de seleção convergente-divergente (Lonnquist et al., 1979) pode ser uma alternativa.

A seleção intrapopulacional é amplamente utilizada no melhoramento de populações de polinização aberta de milho (Arias et al., 1999; Carvalho et al., 2003a; Carvalho et al., 2003b; Cepeda et al., 2000; González, et al., 1994; Machado & Fernandes, 2001; Matta & Viana, 2003; Resende et al., 1997; Souza Jr, 1998; Souza Jr, 1993; Souza Jr & Miranda Filho, 1989; Silva et al., 2001). A seleção recorrente, por exemplo, é um método de melhoramento que aumenta a frequência dos alelos favoráveis, mantendo a variabilidade genética na população melhorada (Doersksen et al., 2003; Souza Jr, 1998). Com exceção da seleção massal, um ciclo de seleção recorrente nos demais métodos de seleção recorrente intrapopulacional é constituído de quatro etapas (Araújo & Paterniani, 1999). A primeira consta da obtenção das famílias (famílias de meio-irmãos, famílias de irmãos germanos, S_1 e S_2) que constituirão a unidade-alvo de seleção e a unidade de recombinação. A segunda etapa corresponde à avaliação das famílias

mediante a utilização de desenhos experimentais, com as devidas repetições dos tratamentos. Nessa etapa, é fundamental seguir os princípios da experimentação (repetição, casualização e controle local), para que os resultados tenham boa precisão experimental e sejam confiáveis (Miranda Filho, 1987). A terceira etapa compreende a seleção das melhores famílias para as características de interesse. A quarta e última etapa corresponde à recombinação das famílias selecionadas, para terminar o ciclo de seleção. Se conduzida adequadamente, a recombinação entre genótipos selecionados aumenta a frequência de genes desejáveis, recompõe a variabilidade para o próximo ciclo e resgata a condição de equilíbrio perdida a partir da seleção. Para que a recombinação seja adequada, é indispensável o isolamento da área, visando evitar a contaminação por pólen de plantas procedentes de outras populações (Souza Jr, 1998).

2.6. Fatores Envolvidos na Estimativa do Ganho Genético

A quantificação dos componentes genéticos da população-base é essencial para definir estratégias de melhoramento e maximizar os ganhos genéticos. Em populações de polinização aberta de milho, que possuem variabilidade genética disponível para diferentes caracteres agrônômicos, espera-se obter ganhos genéticos promissores, quando se alia um adequado método de seleção (Pereira & Amaral Jr, 2001).

Vários métodos de melhoramento intrapopulacionais podem ser utilizados em milho, quando há interesse em melhorar a população *per se* (Souza Jr, 1993). Em todos os casos, busca-se aumentar a frequência dos alelos favoráveis para uma ou mais características de interesse. É desejo de todo melhorista obter a melhor eficiência possível na seleção, ou seja, o maior ganho genético, na menor unidade de tempo. Porém, quando se trata de populações de polinização aberta, além da busca incessante do progresso, as atenções também devem estar voltadas para o coeficiente de endogamia, que é uma das principais limitações para a obtenção de avanços genéticos, seja pela perda de heterose, ou pelo efeito da depressão endogâmica (Paterniani, 1980).

O sucesso da seleção recorrente intrapopulacional depende de vários fatores, dentre os quais se destacam: a variabilidade genética da população original (P_o); o método de seleção aplicado; o tipo de progênie utilizada como unidade de seleção e recombinação; o tamanho efetivo populacional (N_e); técnicas experimentais utilizadas durante as avaliações para controle do ambiente; intensidade de seleção, e; cuidados durante a etapa de recombinação (Paterniani, 1980).

Para estimar o ganho genético tem sido levado em consideração modelos matemáticos, que englobam diversos fatores que interferem na resposta esperada com a seleção. O modelo padrão de ganho genético, normalmente, pressupõe que o tamanho efetivo populacional (N_e) seja infinito (Souza Jr et al., 2000). Neste caso, a expressão é representada por $G_s = ic\hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_f$, onde $i, c, \hat{\sigma}_g$ e $\hat{\sigma}_f$ correspondem ao diferencial de seleção estandarizado (intensidade de seleção), controle parental, variância genética entre famílias e desvio padrão fenotípico, respectivamente. Para o caso de famílias de meio-irmãos, σ_g^2 corresponde a $1/4$ variância genética aditiva (σ_a^2) (Hallauer & Miranda Filho, 1981). A seleção será tanto mais eficiente quanto maior a variabilidade genética da população e à medida que os efeitos aditivos forem os mais importantes em relação à variabilidade genética total disponível (Paterniani, 1980).

O valor de c é $1/2$ quando a unidade de seleção é igual à unidade de recombinação e, se a recombinação for efetuada com FMI selecionadas com base em um sexo (feminino). Para casos em que a unidade de seleção for à mesma da unidade de recombinação e a população melhorada for oriunda do inter cruzamento entre indivíduos selecionados para os dois sexos (feminino e masculino), então o valor de c é 1. Finalmente, c é igual a 2, quando a unidade de seleção é diferente da unidade de recombinação e a seleção for efetuada para os dois sexos (feminino e masculino) (Paterniani, 1980).

A intensidade de seleção (i) indica que quanto maior seu valor, menor será a porcentagem de indivíduos selecionados, e conseqüentemente, maior será o ganho genético. Porém, intensidade expressiva de seleção, pode elevar os

coeficientes de endogamia nas gerações subsequentes a seleção. Se o tamanho efetivo populacional (N_e) for reduzido demasiadamente durante os sucessivos ciclos de seleção recorrente, flutuações alélicas podem ocorrer ao longo das gerações, o que resulta na fixação e perda de alelos, redução da variabilidade genética (Hartl, 1988), incrementos na frequência de homozigotos acima das proporções encontradas nas populações em equilíbrio, e depressão endogâmica. Contudo, sob tamanhos efetivos populacionais elevados, os ganhos de seleção são menos expressivos (Crossa & Gardner, 1989; Paterniani & Vencovsky, 1978), ainda que os demais parâmetros populacionais acima mencionados não sejam demasiadamente afetados.

Os modelos atuais de seleção recorrente intrapopulacional incluem o coeficiente de endogamia gerado a partir da seleção recorrente, visando a obtenção de estimativas mais precisas e, por isso, mais apropriadas para a definição de estratégias de seleção. O modelo atual proposto por Souza Jr et al. (2000), considera um efeito de depressão endogâmica, decorrente do tamanho populacional finito usado durante a etapa de recombinação. A expressão do modelo atual, considerando estratégias de seleção recorrente, a partir de unidades de seleção não-endogâmicas, é dada por: $R_s = [(ic(\hat{\sigma}_A^2 / \hat{\sigma}_f)) - DE / 2N_e]$, onde DE é a depressão endogâmica e $\Delta F = 1/2N_e$ é a alteração no coeficiente de endogamia de uma geração a outra. Para esta expressão, a resposta esperada com a seleção depende do tamanho efetivo populacional (N_e), estabelecido a partir da unidade de recombinação utilizada para finalizar o ciclo de seleção recorrente.

A comparação entre os dois modelos foi realizada por Souza Jr. et al. (2000), mediante o uso de famílias de meio-irmãos e famílias endogâmicas S_1 como unidades de seleção e recombinação, respectivamente. As análises indicaram que o ganho genético estimado pela nova expressão foi 47% e 28% inferior ao modelo padrão, para as características produção de grãos e altura de plantas, nesta ordem. Dessa forma, a expressão padrão tem superestimado as respostas de seleção recorrente por não considerar o tamanho efetivo populacional (N_e) adequado.

Esses dados reforçam a necessidade de levar em consideração o tamanho efetivo populacional (N_e) para a definição da intensidade de seleção e, com isso, evitar a perda de alelos por deriva (Araújo & Paterniani, 1999). Com base no tamanho efetivo e no tipo de família utilizada como unidade de recombinação, é definido o número de unidades de recombinação a serem utilizadas nos campos isolados de despendoamento. No caso das famílias de meio-irmãos, o valor de N_e é igual a quatro, ou seja, cada família de meio-irmão corresponde à variabilidade de quatro plantas da população genitora. Souza Jr (1998) considera adequados, tamanhos efetivos de 30 a 40 para os programas de seleção recorrente intrapopulacionais de médio e longo prazo.

Estes dados são inexistentes na literatura, quando são utilizadas variedades locais e crioulas de milho como populações-base de programas de seleção recorrente. A definição de tamanhos efetivos populacionais pode ser particularmente importante em programas de melhoramento iniciados a partir de populações pouco ou nada melhoradas pelo sistema formal de pesquisa, tal como ocorre com variedades locais e crioulas. Este aspecto é relevante devido a carga genética dessas populações ser relativamente mais elevada e, por isso, a atenção dos melhoristas deve ser maior.

2.7. Ganho de Seleção

2.7.1. Ganhos Diretos de Seleção

A predição de ganhos a ser obtido por uma estratégia de seleção constitui-se numa das principais aplicações da genética quantitativa. A partir dessas informações é possível orientar com propriedade o programa de melhoramento e prever o sucesso a partir do método de seleção adotado (Cruz & Regazzi, 2001; Hallauer & Miranda Filho, 1981).

O ganho de seleção consiste na alteração da média de uma ou mais características de uma dada população. Essa alteração de média é possível a partir da alteração das frequências gênicas determinantes do caráter de interesse.

A estimativa do ganho de seleção a partir da seleção intrapopulacional pode ser realizada a partir de vários métodos de seleção. Dentre estes, são usuais a seleção massal e os métodos de seleção de famílias, denominados de meio-irmãos, irmãos-germanos, endogâmicas S_1 e S_2 e seleção combinada (Hallauer & Miranda Filho, 1981).

Historicamente, a produtividade tem sido o caráter mais importante em programas de melhoramento (Weyhrich et al., 1998) de milho. A partir da seleção recorrente para o incremento da produtividade, foram estimados ganhos diretos de seleção de várias magnitudes em vários trabalhos. A partir de estudos com populações compostas de milho, Cepeda et al. (2000) e Paterniani & Vencovsky (1978) estimaram ganhos de seleção da ordem de 1,0 e 3,5%, respectivamente. Weyhrich et al. (1998), a partir de diferentes progênies da população BS11, estimaram ganhos de seleção que variaram de 0,6 a 5,8%. Fakorede e Mock (1978) estimaram ganhos de seleção de 5,5%, a partir do cruzamento de duas populações híbridas com duas populações de polinização aberta. Resende et al. (1997), a partir da população BR-108, conduziram dois experimentos - um em solo de cerrado e outro em solo fértil - e estimaram ganhos de seleção de 3,8 e 4,7%, respectivamente. Santos et al. (2005), a partir de seleção recorrente recíproca com as populações IG-I e IG-II, estimaram um ganho de seleção de 4,1%. Adicionalmente, Arias & Souza Jr (1998) obtiveram estimativas de ganhos para o caráter produtividade de 18,0% e 13,8% a partir das populações BR-105 e BR-106, respectivamente. Por sua vez, Carvalho et al. (2003b) estimaram um ganho de seleção de 14,3% a partir da variedade BR 5028 - São Francisco.

O ganho direto de seleção é a forma mais fácil e prática de obter avanços genéticos para uma única característica (Paula et al., 2002). No entanto, ao considerar apenas uma característica, poderão ocorrer modificações em outras, dependendo da magnitude e do sentido das correlações genéticas que são estabelecidas entre os caracteres.

2.7.2. Resposta Correlacionada ou Ganhos Indiretos de Seleção

A estimativa do coeficiente de correlação entre dois ou mais caracteres é importante porque é uma indicação do grau de associação entre estes caracteres. A correlação entre dois ou mais caracteres indica que diante da alteração da média de um caráter submetido à seleção, mudanças no comportamento do outro poderão ocorrer. Esse comportamento é conhecido como resposta correlacionada (Hallauer & Miranda Filho, 1981).

As causas da correlação podem ser de efeito genético e/ou ambiental. A correlação genética entre caracteres é atribuída aos efeitos de pleiotropismo dos genes ou por falta de equilíbrio de ligação (Cruz & Regazzi, 2001). O pleiotropismo é caracterizado quando um ou mais genes participam da expressão gênica de uma ou mais características simultaneamente. A correlação resultante do pleiotropismo expressa o efeito total de todos os genes em segregação. O desequilíbrio de ligação gênica refere-se a blocos gênicos que tendem ser transmitido de uma geração a outra em bloco. O desequilíbrio de ligação gênica é causa transitória da correlação que pode ser alterada no decorrer das gerações pela quebra dos blocos gênicos (Cruz, 2005; Hallauer & Miranda Filho, 1981; Vencovsky, 1987), via recombinação entre genes ligados.

Além de ter a informação sobre a existência da correlação significativa entre os caracteres, é fundamental conhecer a magnitude dos coeficientes e o sentido de suas correlações, sejam elas positivas ou negativas (Cruz & Regazzi, 2001). A partir dessa informação, estratégias apropriadas de seleção poderão ser adotadas, para que as correlações entre os caracteres possam ser exploradas favoravelmente aos interesses que se tem pelos caracteres (Silva et al., 2004).

A eficiência da exploração da correlação entre caracteres é maior para caracteres de baixa herdabilidade restrita ou com problemas ou dificuldades de identificação e avaliação (Cruz, 2005). De acordo com Silva et al. (2004), o caráter produtividade enquadra-se nessas condições e, além disso, é muito influenciado pelo ambiente. Por estas razões, têm-se limitações em estimar aumentos substâncias para este caráter a partir da seleção direta. Segundo Vencovsky & Barriga (1992) é possível, mas não é muito comum, obter ganho de seleção em

magnitude maior para um dado caráter X, a partir da seleção em um caráter Y. Isso ocorre quando o caráter X tiver herdabilidade mais alta do que o caráter Y e, quando, além disso, a correlação genética entre os dois caracteres for elevada.

Ao estimar o ganho genético a partir do diferencial de seleção, a seleção indireta será no máximo igual ao ganho direto de seleção, mas nunca superior (Cruz & Regazzi, 2001; Paula et al., 2002). Stojšin & Cannenberg (1994) lembram que a resposta à seleção indireta depende do método de seleção usado, do valor médio original do caráter na população e das correlações diretas e indiretas que estes estabelecem com os caracteres selecionados.

O conhecimento sobre a correlação entre os caracteres também serve para a composição de índices de seleção. Caso dois caracteres estejam correlacionados, de forma que a partir de um obtêm-se ganhos favoráveis em magnitude satisfatória ao outro, não justifica a inclusão dos dois caracteres na composição do índice (Cruz, 2005).

Em razão de serem raros os trabalhos de melhoramento de milho, que visam à seleção de uma única característica, muitos estudos de correlações entre caracteres, com diferentes métodos de seleção, têm sido realizados.

A resposta correlacionada, estimada por Fakorede & Mock (1978) a partir da seleção recorrente, em três populações de milho, mostrou que, seis dos sete ciclos de seleção proporcionaram o aumento da produtividade, em razão do decréscimo do número de ramificação do pendão.

A partir de uma população composta, Geraldi (1977) também estimou um coeficiente de correlação negativo entre a produtividade e o número de ramificações do pendão.

A partir de progênies de IG e de autofecundação (S_1) da população ESALQ-PB1, após seleção divergente para comprimento da haste do pendão e altura de espiga, Farias Neto & Miranda Filho (2001) estimaram um coeficiente \hat{r}_g positivo entre os caracteres altura de planta e número de ramificações do pendão (0,40), produtividade x altura de planta (0,09) e produtividade x altura de espiga (0,50).

Os coeficientes \hat{r}_g entre o caráter produtividade com os caracteres altura de planta (0,62) e prolificidade (0,86) da população Dentado Composto foram

estimados por Lemos et al. (1992). A partir do composto de milho ESAM-1, Silva et al. (2001) estimaram coeficientes de \hat{r}_g positivos para a combinação dos caracteres altura de planta x altura de espiga (0,88), produtividade x prolificidade (0,43) e negativa entre prolificidade x peso de 100 grãos (-0,26).

A partir das populações BR-105 e BR-106, Arias et al. (1999) avaliaram a correlação entre caracteres de três progênies (S_1 , HS-intra e HS-inter) e detectaram o maior \hat{r}_g entre os caracteres produtividade x prolificidade.

O desempenho de 23 populações de híbridos foi avaliado por Santos et al. (2002). Estes autores detectaram um \hat{r}_g significativo entre os caracteres produtividade x altura de plantas (0,51) e produtividade x altura de espigas (0,52) e, entre os caracteres ciclo e produtividade não observaram significância.

A partir de uma população F_2 de clima temperado, Silva et al. (2004) estimaram os componentes de variação genética e detectaram \hat{r}_g entre o caráter produtividade com altura de planta e altura de espiga da ordem de 0,50.

A correlação estabelecida entre um mesmo par de caracteres pode assumir magnitudes e sentido de coeficientes diferenciados. Os coeficientes apresentados representam a situação particular das progênies avaliadas em um determinado local e momento. Seus valores são intransponíveis.

3. OBJETIVO

3.1. Geral

Conduzir um ciclo de seleção recorrente convergente-divergente intrapopulacional de famílias de meio-irmãos, a partir da população composta MPA1, como parte de um processo cíclico de desenvolvimento de uma nova variedade melhorada de polinização aberta de milho, adaptada às condições particulares de manejo e de ambiente do município de Anchieta-SC.

3.2. Específicos

- a. Estabelecer critérios de seleção com base no conhecimento local dos agricultores do Extremo Oeste de Santa Catarina, para serem usados em processos cíclicos de seleção recorrente de milho;
- b. Desenvolver atividades de pesquisa junto às comunidades rurais de Anchieta e municípios do entorno, visando a apropriação pelos agricultores do conhecimento associado ao processo e ao produto decorrente do melhoramento genético da população composta MPA1;
- c. Analisar a variabilidade genética para as diferentes características indicadas pelos agricultores do Extremo Oeste de Santa Catarina, a partir das estimativas de parâmetros estatístico-genéticos inferidos para a população composta MPA1;
- d. Verificar a existência de correlações entre variáveis, visando à definição de uma estratégia adequada de seleção simultânea de caracteres, que atenda aos interesses particulares dos agricultores locais e, ao mesmo tempo permita minimizar os efeitos negativos decorrentes da redução de variabilidade pós-seleção.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material Vegetal

4.1.1. População Composta MPA1

O composto de milho MPA1 foi produzido pelo agricultor Nívio Alceu Folgiarini, da comunidade da Linha São Roque, município de Anchieta/SC, tendo o apoio técnico do SINTRAF de Anchieta e da ASSO deste município, na pessoa do técnico Adriano Canci.

Na primeira etapa, conduzida na safra 1999/2000, foram reunidas sementes de 25 populações distintas de milho, dentre as quais 18 eram populações sintéticas comerciais, quatro eram variedades de polinização aberta do grupo Pixurum e três eram variedades locais ou crioulas (Cateto, Mato Grosso Palha-Roxa e Amarelão) cultivadas no município de Anchieta. Cada uma das 25 populações contribuiu com 50 espigas, a partir das quais foram retiradas 300 sementes, ou seja, seis sementes de cada espiga. Na propriedade do agricultor Nívio Alceu Folgiarini, foi destinada uma área isolada para a recombinação entre as 25 populações, segundo o esquema “topcrosses”. Neste caso, a uma densidade de 40.000 plantas ha⁻¹, uma fileira de 40 m lineares, constituída por uma mistura eqüitativa de sementes de todas as 25 populações, foi intercalada a cada duas fileiras individuais, cada qual constituída por uma população. As fileiras simples, constituídas pela mistura das 25 populações, foram destinadas à doação de pólen e, por isso, formaram as fileiras masculinas. As fileiras simples constituídas individualmente por cada população, foram despendoadas e, por isso, formaram as fileiras femininas, a partir das quais foram obtidas as sementes recombinadas, resultantes da primeira etapa. As plantas fornecedoras destas sementes foram selecionadas dentro de cada fileira feminina, a partir da estratificação da área. Nesse caso, a cada 10 m lineares, foram selecionadas

cinco plantas, com base na expressão dos caracteres altura de planta, prolificidade, diâmetro de colmo e resistência a doenças. Da área total destinada à primeira etapa, foram selecionadas 500 plantas, a partir das quais foram obtidas 500 espigas. Na fase pós-colheita, as melhores espigas foram selecionadas com base no tamanho de espiga, grau de empalhamento, tipo e cor do grão e, a partir das mesmas, foram obtidas as sementes recombinadas que foram usadas durante a segunda etapa de formação do composto.

Na safra agrícola 2000/2001 (segunda etapa), foram incluídas outras cinco populações de origem desconhecida. O composto resultante da recombinação entre as 30 populações forneceu sementes que foram retiradas de 300 espigas para constituírem a área isolada da terceira etapa. Nas três safras seguintes, foram conduzidos três ciclos de seleção massal estratificada (Soares et al., 1998), a partir dos quais foram produzidas as sementes da população composta MPA1. Finalmente, o composto resultante da terceira etapa foi usado como população-base para a realização do primeiro ciclo de seleção recorrente divergente, descrito no presente trabalho.

4.1.2. Obtenção das Famílias de Meio-irmãos

Durante a safra agrícola 2003/2004, foi escolhida uma área isolada também no estabelecimento da família Folgiarini, para a implantação de um campo cultivado com a população MPA1, cuja densidade foi de 40.000 plantas ha⁻¹. A partir desse campo, foram selecionadas as plantas-mães que deram origem às famílias de meio-irmãos usadas como unidade de seleção e recombinação. Para tanto, a seleção foi realizada em área estratificada, visando reduzir os efeitos da heterogeneidade do ambiente sobre a expressão fenotípica dos caracteres. Na fase de pré-colheita foram selecionadas 300 plantas com base na expressão dos caracteres resistência a doenças, altura de planta, prolificidade, florescimento masculino e ciclo. Após a colheita, espigas procedentes destas plantas foram cadastradas e avaliadas individualmente em relação ao tipo de grão, forma da espiga, direção das fileiras, número de fileiras espiga⁻¹ e número de grãos fileira⁻¹.

Com base nestes critérios, foram selecionadas as 186 espigas-mães (famílias de meio-irmãos) usadas nos três experimentos do presente trabalho.

4.2. Estabelecimento dos critérios de seleção

O estabelecimento dos critérios de seleção foi realizado em dois momentos distintos. Em uma primeira etapa, foi realizado um encontro com agricultores dos municípios de Anchieta e Guaraciaba, com o objetivo de identificar caracteres de importância para a cultura do milho, de acordo com a percepção desses agricultores. A esses caracteres, ainda foram adicionados outros atributos considerados essenciais pelos pesquisadores, o que resultou na indicação de 28 caracteres, dos quais 14 foram associados a atributos expressos na fase pré-colheita e, os demais 14, relacionados a caracteres expressos na fase pós-colheita.

Numa segunda etapa, 30 agricultores procedentes dos municípios de Anchieta, Guaraciaba, Bandeirante, Novo Horizonte e São Lourenço do Oeste definiram a ordem de importância dos caracteres listados na primeira etapa, para que alguns pudessem ser priorizados durante a avaliação experimental das famílias de meio-irmãos derivadas do composto MPA1.

A estratégia usada nessa segunda etapa baseou-se na formação de seis grupos, dos quais três foram formados por agricultores de Anchieta, um quarto grupo, por agricultores de Guaraciaba, um quinto grupo, por agricultores de Bandeirante e um último grupo, por agricultores de Novo Horizonte e São Lourenço do Oeste. A partir do estabelecimento dos seis grupos, foi possível implementar a fase de definição dos critérios de seleção, mediante um sistema de votação, que aconteceu em dois momentos diferentes. No primeiro, momento referido como M1, foi conduzida a votação entre os 14 caracteres pré-colheita, definidos na primeira etapa. No segundo, referido como M2, foi conduzida a votação entre os 14 demais caracteres pós-colheita, também definidos pelos agricultores na primeira etapa. Cada grupo recebeu 42 fichas de cores específicas, as quais foram distribuídas pelos agricultores nas urnas colocadas abaixo dos caracteres, durante as fases de votação M1 e M2. Pelo fato de cada

grupo ter recebido um conjunto de fichas de uma cor particular, foi possível manter a identidade dos grupos, no momento da contagem dos votos, ainda que a votação tenha sido conduzida, simultaneamente, para todos os seis grupos.

Acima de cada urna, foi colocado um cartaz contendo a denominação do caráter e uma ilustração correspondente, visando reduzir erros durante a votação. Adicionalmente, foi conduzida uma breve discussão entre os integrantes de cada grupo sobre os caracteres submetidos à votação. A partir disso, os agricultores definiram a quantidade de fichas a ser distribuída nas urnas, segundo a percepção particular de cada grupo quanto à ordem de importância de cada caráter. A votação foi consumada após a deposição dos votos (fichas) dentro das urnas, efetuada por um representante de cada grupo. Os cinco caracteres mais votados em cada grupo, nas fases M1 e M2, compuseram a lista de atributos usados para classificá-los, segundo o percentual de votos recebidos pelos seis grupos.

A constatação de diferenças significativas ($\alpha \leq 0,05$) entre famílias de meio-irmãos, obtida a partir das análises de variâncias, conduzidas para cada caráter, foi um segundo critério adotado para o estabelecimento de um último ordenamento efetuado para os caracteres. Os caracteres priorizados nesse segundo ordenamento foram escolhidos para a obtenção das estimativas dos parâmetros estatístico-genéticos do presente trabalho.

4.3. Descrição dos experimentos

Na safra agrícola 2004/2005, foram conduzidos três experimentos em propriedades de agricultores da ASSO do município de Anchieta. Foi designado de L1, o experimento conduzido na propriedade da família de Léo e Julieide Chenet da comunidade da Linha São Domingo; L2, o experimento conduzido na propriedade da família de Nívio e Zeni Folgiarini da Linha São Roque, e; L3, o experimento conduzido na comunidade da Linha Gaúcha, na propriedade da família de João e Dalila Bertolet. Num total, foram avaliadas 186 famílias de meio-irmãos (FMI) derivadas da população MPA1. Praticar seleção para uma população em locais distintos torna possível recomendar a população melhorada para uma área territorial ampla (Lonnquist et al., 1979).

Em cada experimento, foram avaliados 64 tratamentos, constituídos por 62 FMI e duas variedades testemunhas. A testemunha BRS 4150 é uma variedade melhorada de polinização aberta da EMBRAPA, adaptada à região Sul do país. A própria população composta MPA1 de ciclo 0 (P_0) foi à segunda testemunha.

Nos três estabelecimentos, o delineamento experimental foi conduzido em látice quadrado 8 x 8, parcialmente balanceado, com três repetições, (Cochran & Cox, 1980; Pimentel & Garcia, 2002; e Resende & Souza Jr, 1997). No entanto, as análises e estimativas subseqüentes foram efetuadas segundo delineamento em blocos casualizados, em decorrência da perda de parcelas, nos três experimentos.

Cada parcela foi constituída por uma fileira simples de 5 m lineares, espaçada em 1 m de distância entre si. A área útil da parcela foi de 4 m², localizada na parte central da unidade experimental. Essa área é considerada suficiente por Chaves & Miranda Filho (1992) e Martin et al. (2005) para experimentos dessa natureza. Foram distribuídas 40 sementes em cada unidade experimental, sendo que, após três semanas do início da emergência das plântulas, foi realizado o desbaste, deixando uma densidade final de 40.000 plantas ha⁻¹. Essa densidade foi definida com base no manejo usual dos agricultores da região para variedades locais de milho.

A adubação das plantas foi realizada com base nos resultados da análise de solo. Após a realização do desbaste, uma dose correspondente a 3 t ha⁻¹ de adubo orgânico de aves foi distribuída em sulco. A adubação nitrogenada de cobertura foi realizada no estágio de florescimento masculino das plantas, na dose de 110 kg de N ha⁻¹. Os tratos culturais ficaram restritos ao controle das plantas espontâneas.

4.4. Avaliação de Famílias de Meio-Irmãos

A avaliação das características posição de espiga no momento da colheita, grau de empalhamento, empalhamento, forma de espiga, direção de fileiras de grãos, foi conduzida de acordo com os Descritores Mínimos do Milho (*Zea mays* L.), conforme publicação do Serviço Nacional de Proteção de Cultivares – (SNPC) do Ministério da Agricultura e do Abastecimento. As características diâmetro de

colmo, número de ramificações secundárias do pendão, ângulo entre a nervura principal de folha e o caule da planta, altura de planta, altura de espiga, prolificidade, ciclo, número de fileiras espiga⁻¹, diâmetro de espiga, comprimento de espiga, diâmetro de sabugo e peso de mil grãos foram avaliadas de acordo com os Descritores Mínimos do Milho, porém as suas medidas não foram transformadas em classes de valores ordinais, conforme é indicado pelo SNPC. Ao invés disso, considerou-se o valor mensurado diretamente nas características.

Os caracteres número de plantas quebradas, número de plantas tombadas e produtividade foram avaliados a partir da contagem das plantas quebradas, tombadas e, pesagem da produtividade de grãos por parcela útil, respectivamente. Embora nos Descritores Mínimos do Milho não esteja descrito como efetuar as avaliações das características quantidade de raízes adventícias e peso do sabugo, estas foram avaliadas, de acordo com os critérios descritos nos anexos desse texto.

As características avaliadas em 10 plantas da parcela útil, na fase pré-colheita foram: ângulo entre a lâmina foliar e o caule, medido em graus; quantidade de raízes adventícias e posição da espiga na colheita, avaliadas a partir de uma escala de notas que constam no Anexo 1; número de ramificações secundárias do pendão, quantificada a partir de contagem; altura da planta, altura da espiga principal e diâmetro de colmo, medidos em cm. Os caracteres avaliados a partir do total da parcela útil, na fase pré-colheita foram: florescimento masculino, medido em dias; número de plantas acamadas, número de plantas quebradas, número de plantas colhidas e número de espigas colhidas, quantificados a partir de contagem, e; prolificidade, estabelecida a partir da relação entre os caracteres número de espigas colhidas e número de plantas colhidas.

As características avaliadas a partir de 10 plantas da parcela útil, na fase pós-colheita foram: grau de empalhamento, empalhamento, forma de espiga e direção de fileiras de grãos, avaliados a partir da atribuição de notas descritas no SNPC e adicionadas no Anexo 1; número de fileiras de grãos e número de grãos por fileira, avaliados a partir de contagem; diâmetro de espiga, diâmetro de sabugo

e comprimento de espiga, medidos em cm, e; peso de sabugo, medido em g. As características avaliadas com base no total de parcela, na fase pós-colheita foram: rendimento de grãos, avaliado a partir da produtividade em kg por parcela útil, e; peso de mil grãos, medido em g.

A partir da mensuração destas características, foram estimadas as seguintes variáveis: ângulo médio entre a lâmina foliar e o caule (ALC), quantidade média de raízes adventícias (QRA), número médio de ramificações secundárias do pendão (RSP), altura média de plantas (APL), altura média de espiga (AES), diâmetro médio de colmo (DCO), posição média da espiga na colheita (PEC), florescimento masculino (CIC), número de plantas acamadas (NPA), número de plantas quebradas (NPQ), prolificidade (PROL), grau médio de empalhamento (GEM), empalhamento médio (EMP), forma média de espiga (FES), direção média das fileiras de grãos na espiga (DFG), número médio de fileiras de grãos espiga⁻¹ (NFG), número médio de grãos fileira⁻¹ (NGF), diâmetro médio de espiga (DES), comprimento médio de espiga (CES), peso médio de sabugo (PSA), diâmetro médio de sabugo (DSA), produtividade em kg ha⁻¹ (PROD) e peso de mil grãos (PMG).

As características resistência a doenças (RDO), resistência à seca (RSE), resistência ao gorgulho (RGO) e cor de palha (CPA) não foram avaliados por razões operacionais. A característica tipo de grãos (TDG) foi considerada no momento da seleção das 186 FMI que deram origem ao primeiro ciclo de seleção recorrente convergente-divergente e avaliada nas FMI.

4.5. Análises estatísticas

4.5.1. Análise de variância e estimativas de parâmetros estatístico-genéticos

A partir das variáveis obtidas com base nos caracteres definidos pelos agricultores, foram realizadas as análises de variâncias, conduzidas individualmente para cada local, considerando o seguinte modelo matemático: $Y_{ij} = \mu + g_i + b_j + e_{ij}$, onde Y_{ij} , é a observação da i-ésima família de meio-irmãos,

($i = 1, 2, \dots, 64$) da j -ésima repetição ($j = 1, 2, 3$); μ , equivale a média geral; g_i , é o efeito de tratamento suposto aleatório, com distribuição normal e independentemente distribuído com média zero e variância σ_g^2 , isto é, $g_i \cap NID(0, \sigma_g^2)$, logo $E(g_i) = 0$ e $E(g_i^2) = \sigma_g^2$; b_j , é o efeito de repetições suposto aleatório, $b_j \cap NID(0, \sigma_b^2)$; e_{ij} , é o erro experimental suposto aleatório, com $e_{ij} \cap NID(0, \sigma^2)$.

Os estimadores dos componentes de variância foram obtidos a partir do método dos momentos ou da análise de variância efetuado individualmente para cada variável, cujo esquema da ANOVA é apresentado no Quadro 1.

Quadro 1 – Resumo da análise de variância para delineamento em blocos casualizados

FV	GI	QM	E (QM)
Blocos	$r - 1$	QMB	$\sigma^2 + t\sigma_b^2$
Tratamentos	$g - 1$	QMT	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$
Resíduo	$(r - 1)(g - 1)$	QMR	σ^2
Total	$(r.g) - 1$		

Para as variáveis que apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) entre tratamentos, foram estimados os parâmetros estatístico-genéticos descritos em Cruz & Regazzi (2001) e Vencovsky & Barriga (1992), a saber: $\hat{\sigma}^2 = QMR$ (variância); $\hat{\sigma}_g^2 = (QMT - QMR) / r$ (variância genética entre famílias de meio-irmãos); $\hat{\sigma}_f^2 = (\hat{\sigma}^2 / r) + \hat{\sigma}_g^2 = QMT / r$ (variância fenotípica entre médias de famílias de meio-irmãos); $\hat{h}^2 = \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_f^2$ (coeficiente de herdabilidade restrita), sendo a estimativa de σ_f^2 efetuada com base na média de famílias, onde QMR é o quadrado médio de resíduo, QMT é o quadrado médio do tratamento e r é o número de repetições.

O coeficiente da herdabilidade (\hat{h}^2) tem relação direta com o ganho genético. Quando estimado no sentido restrito pode ser quantificado pelo quociente estabelecido entre a fração aditiva e o componente fenotípico da variação. Este parâmetro quantifica, em proporção ou em percentual, o quanto das variações fenotípicas é decorrente do componente aditivo disponível entre indivíduos, entre progênies ou entre indivíduos dentro de progênies. No presente estudo, a variância fenotípica (σ_f^2) adicionada ao denominador do coeficiente de herdabilidade foi estabelecida a partir da média entre famílias de meio-irmãos e, por isso, foi estimada a partir da relação QMT/r , que inclui componentes genéticos e do ambiente. No caso de famílias de meio-irmãos, a variância genética ($\hat{\sigma}_g^2$) entre famílias corresponde a 1/4 da variância aditiva disponível na população, ou seja, $\hat{\sigma}_g^2 = 1/4 \hat{\sigma}_a^2$. Esta última revela a fração do componente genético da variação decorrente dos efeitos médios dos alelos. O coeficiente da variação genética correspondeu a $\hat{CV}_g = 100\sqrt{\hat{\sigma}_g^2}/\hat{\mu}$, onde $\hat{\mu}$ é a média da população. Como a sua estimativa foi realizada a partir de uma amostra aleatória, este também quantifica a variabilidade genética existente entre os tratamentos. O quociente entre a relação do coeficiente de variação genética e do coeficiente da variação ambiental ou índice foi estimado por $\hat{b} = \sqrt{\hat{\sigma}_g^2/\hat{\sigma}^2}$. Seu valor expressa se um determinado material, numa dada fase de avaliação, presta-se a seleção. Valores de \hat{b} superiores ou próximos a 1, indicam condição favorável para a seleção. O ganho de seleção direto a partir do diferencial de seleção (DS), em valor absoluto foi estimado por $\hat{GS}_{DS} = DS.ch^2$, e em percentual foi estimado por: $\hat{GS}_{DS} \% = GS/\bar{X}_o .100$. O ganho de seleção direto a partir da seleção truncada (ST) em valor absoluto e em percentual, foi estimado por $\hat{GS}_{ST} = ic \hat{\sigma}_g^2 / \hat{\sigma}_f = ich^2 \hat{\sigma}_f$ e $\hat{GS}_{ST} \% = (ich^2 \hat{\sigma}_f / \bar{X}_o).100$, respectivamente, onde, $DS = (\bar{X}_s - \bar{X}_o)$ é o diferencial de seleção com \bar{X}_s sendo a média da população selecionada e \bar{X}_o a média da população original, i é a intensidade de seleção em unidades de desvio padrão e

c é o controle parental que expressa a relação entre a unidade de seleção usada para identificação dos fenótipos superiores e a unidade de recombinação. Para o caso em estudo, onde as unidades de seleção e recombinação foram às mesmas (famílias de meio-irmãos) e cuja seleção foi efetuada para os dois sexos, o valor de p é igual a 1.

As variáveis que não apresentaram diferenças significativas ($\alpha > 0,05$) entre os tratamentos foram excluídas das estimativas dos parâmetros estatístico-genéticos. Todas as análises foram realizadas utilizando o procedimento PROC GLM do programa STATISTICA® 6.0, segundo o modelo proposto por Cruz & Regazzi (2001) e Vencovsky & Barriga (1992).

4.5.2. Análise de Covariância e Estimativas de Parâmetros Estatístico-Genéticos

As análises de covariâncias foram realizadas considerando o modelo de delineamento em blocos ao acaso para todas as combinações possíveis entre pares de variáveis, cujas análises de variância, efetuadas para cada variável, apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) entre os tratamentos.

Depois de efetuadas as análises de variância para cada variável, foram realizadas análises de variância agrupada para a soma entre pares de variáveis X e Y . Essa análise de variância seguiu exatamente a mesma estrutura da análise da variância individual (Quadro 1), realizada para cada variável, (Hallauer & Miranda Filho, 1981). A seguir, uma análise de covariância agrupada foi realizada para cada par de variáveis, com uma estrutura semelhante a da análise de variância. Neste caso, os quadrados médios (QM) foram substituídos pelos produtos médios (PM) e as variâncias ($\hat{\sigma}^2$) pelas covariâncias ($\hat{\sigma}$), conforme (Quadro 2) (Cruz & Regazzi, 2001). Os produtos médios para cada fonte de variação foram obtidos por meio das expressões: $PMT_{xy} = (QMT_{x+y} - QMT_x - QMT_y)/2$, e $PMR_{xy} = (QMR_{x+y} - QMR_x - QMR_y)/2$, onde, x e y referem-se ao par de variáveis X e Y . Dessa forma, foram calculados os produtos médios das famílias de meio-irmãos (PMT) e os produtos médios do resíduo (PMR) entre as variáveis X e Y .

Quadro 2 – Resumo da Análise de Covariância para Delineamento em Blocos Casualizados

FV	GL	PM	E (PM)
Blocos	b-1	PMB _{xy}	$\sigma_{xy} + t\sigma_{b_{xy}}$
Tratamentos	g-1	PMT _{xy}	$\sigma_{xy} + r\sigma_{g_{xy}}$
Resíduos	(r-1) (g-1)	PMR _{xy}	σ_{xy}

Com base nas esperanças dos quadrados médios e produtos médios das fontes de variação, foram estimados os coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_f), correlação de ambiente (\hat{r}_e) e correlação genotípica (\hat{r}_g), a partir das médias de repetições dos tratamentos, por meio das expressões: $\hat{r}_f = PMT_{xy} / \sqrt{QMT_x \cdot QMT_y}$; $\hat{r}_a = PMR_{xy} / \sqrt{QMR_x \cdot QMR_y}$; $\hat{r}_g = \hat{\sigma}_{g_{xy}} / \sqrt{\hat{\sigma}_{g_x}^2 \cdot \hat{\sigma}_{g_y}^2}$ sendo: $\hat{\sigma}_{g_{xy}} = (PMT_{xy} - PMR_{xy}) / r$, $\hat{\sigma}_{g_x}^2 = (QMT_x - QMR_x) / r$, e $\hat{\sigma}_{g_y}^2 = (QMT_y - QMR_y) / r$, em que: $\hat{\sigma}_{g_{xy}}$ é o estimador da covariância genotípica entre as variáveis X e Y; $\hat{\sigma}_{g_x}^2$ e $\hat{\sigma}_{g_y}^2$ são os estimadores das variâncias genotípicas das variáveis X e Y, respectivamente.

Para verificar a significância dos coeficientes de correlação, procedeu-se a transformação dos valores de \hat{r}_f , \hat{r}_a e \hat{r}_g em $z(r)$. A partir desses valores transformados, foi verificada a significância dos coeficientes de correlação pela estatística t que segue a distribuição do t de *Student*, com n-2 graus de liberdade, conforme descrito por Snedecor & Cochran (1967).

A partir da análise da covariância usando o diferencial de seleção foi estimado o ganho indireto de seleção, em valor absoluto e em percentual, dado por $\hat{GS}_{y(x)} = DS_{y(x)} ch_y^2$ e $\hat{GS}\%_{y(x)} = (DS_{y(x)} ch_y^2 / \bar{X}_0) \cdot 100$, respectivamente. A partir da seleção truncada foi estimado o ganho indireto de seleção, em valor absoluto em percentual, dado por $\hat{RY}_x = ic \cdot \hat{\sigma}_{g_{xy}} \cdot \sigma_f^{-1}$ e $\hat{RY}\%_x = ic(\hat{RY}_x / \bar{X}_0) 100$,

respectivamente, onde i é a intensidade de seleção e, $\hat{\sigma}_{g_{xy}}$ é a covariância genética entre famílias de meio-irmãos para o par de variáveis X e Y , $\hat{G}S_{y(x)}$ é o ganho indireto de seleção, ou seja, corresponde a resposta em Y quando se pratica seleção direta em X e $\hat{D}S_{y(x)}$ é o diferencial de seleção estimado de forma indireta, ou seja, é o diferencial de seleção em Y quando se seleciona X .

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As tabelas enumeradas de 1 a 7 foram inseridas no final da dissertação (a partir da página 107) para facilitar a consulta das informações nelas contidas nos diferentes subitens de resultados e discussão.

5.1. Definição de Critérios de Seleção

Os 28 caracteres (14 pré-colheita e 14 pós-colheita) constantes na Tabela 1 correspondem aos critérios de seleção estabelecidos na primeira etapa pelos agricultores de Anchieta e Guaraciaba, como os mais importantes para a cultura do milho. Dentre estes critérios, foram relacionados atributos de importância agrônoma e, particularmente, aqueles associados à rusticidade frente a fatores bióticos e abióticos. Resistência à seca, resistência a doenças, quantidade de raízes adventícias, diâmetro do colmo, número de ramificações secundárias do pendão, ângulo entre a nervura principal da lâmina foliar e o caule da planta, altura de planta, altura de espiga, prolificidade, posição da espiga no momento da colheita, ciclo, número de plantas quebradas, número de plantas tombadas e cor de palha da espiga, corresponderam aos 14 caracteres pré-colheita. Resistência ao gorgulho, grau de empalhamento, empalhamento, forma da espiga, direção das fileiras de grãos na espiga, número de fileiras de grãos, número de grãos fileira⁻¹, comprimento de espiga, diâmetro de espiga, diâmetro de sabugo, peso de sabugo, peso de mil grãos, tipo de grão, e produtividade, corresponderam aos 14 caracteres pós-colheita (Tabela 1).

A utilização de um elevado número de variáveis como critérios de seleção pode ser um fator limitante para a obtenção de ganhos simultâneos para vários caracteres, a partir do uso de índices de seleção. Em decorrência disso, foi conduzida uma segunda etapa, cuja dinâmica efetuada entre agricultores residentes em cinco municípios diferentes do Extremo Oeste Catarinense, permitiu estabelecer a importância relativa dos 28 caracteres indicados na primeira etapa.

Dentre os seis grupos constituídos a partir de agricultores procedentes de cinco municípios, três foram procedentes de Anchieta. Agricultores desses três grupos já vinham desenvolvendo trabalhos de pesquisa participativa junto ao NEABio/UFSC, desde 2002. Os dados obtidos demonstraram que o envolvimento dos agricultores em ações participativas junto com pesquisadores da UFSC, pode ter interferido no momento da escolha dos critérios durante a segunda etapa de votação, conforme ficou evidenciado na Tabela 2. Os demais agricultores, procedentes dos outros municípios do Extremo Oeste (Guaraciaba, Bandeirante, Novo Horizonte e São Lourenço D'Oeste), participaram da dinâmica de grupo, em decorrência da motivação resultante do desenvolvimento de ações participativas conduzidas em Anchieta. A razão de formar grupos, a partir de agricultores procedentes de diferentes municípios, justifica-se pelo fato de muitos deles possuírem interesses particulares sobre alguns atributos do milho (Kist et al., 2005). Para detectar os diferentes interesses entre grupos de agricultores e obter um resultado mais representativo da região do Extremo Oeste Catarinense, foi estabelecido um ordenamento a partir dos 10 caracteres mais importantes para cada um dos grupos.

Na segunda etapa, os caracteres foram estabelecidos a partir de dois momentos (M1 e M2) independentes de votação. Em cada momento, foram priorizados os 5 caracteres mais votados de cada grupo, os quais estão destacados em *itálico* na Tabela 2 e, a partir disso, uma única ordem relativa de importância foi constituída. Os 21 caracteres indicados pelos seis grupos em ordem decrescente de importância foram: produtividade de grãos, resistência a doenças, diâmetro de colmo, grau de empalhamento, prolificidade, resistência à seca, número de fileiras de grãos espiga⁻¹, posição da espiga no momento da colheita, tipo de grão, altura de planta, quantidade de raízes adventícias, número de grãos fileira⁻¹, comprimento de espiga, resistência ao gorgulho, direção das fileiras de grãos, forma da espiga, ângulo entre a nervura principal da lâmina foliar e o caule, número de ramificação secundárias do pendão, empalhamento, ciclo e cor da palha das espigas, conforme pode ser observado na coluna pré-anava da Tabela 2.

Dentre estes caracteres, apenas a produtividade de grãos foi considerado importante em todos os grupos. Os caracteres ciclo, ângulo entre a nervura principal da lâmina foliar e o caule, número de ramificação secundárias do pendão, cor da palha das espigas, empalhamento e forma da espiga foram considerados importantes por grupos individuais. Os caracteres prolificidade, direção das fileiras de grãos, altura de plantas, diâmetro de colmo, posição da espiga no momento da colheita, quantidade de raízes adventícias, grau de empalhamento, número de fileiras de grãos espiga⁻¹, número de grãos fileira⁻¹ e comprimento de espiga foram comuns à pelo menos dois grupos (coluna pré-anava, Tabela 2).

Os caracteres diâmetro de espiga, peso de mil grãos, número de plantas tombadas, número de plantas quebradas, diâmetro de sabugo, peso de sabugo e altura de espiga foram considerados pelos agricultores como os menos importantes em relação aos demais e, por essa razão, foram desconsiderados para a realização das análises de variância e para outras estimativas de parâmetros. Além destas características, embora os agricultores tenham considerado os caracteres resistência a doenças, resistência a seca, cor da palha das espigas e resistência ao gorgulho como prioritários para a cultura do milho, estes não foram avaliados por razões operacionais. O caráter tipo de grão foi selecionado apenas a partir das plantas-mães que deram origem às famílias de meio-irmãos do presente trabalho. Restringindo estas características, foram realizadas análises de variância para quantidade de raízes adventícias, diâmetro do colmo, número de ramificações secundárias do pendão, ângulo entre a nervura principal da lâmina foliar e o caule, altura de planta, prolificidade, posição da espiga no momento da colheita, ciclo, grau de empalhamento, empalhamento, forma da espiga, direção das fileiras de grãos na espiga, número de fileiras de grãos, número de grãos fileira⁻¹, comprimento de espiga, e produtividade de grãos.

Com base nos resultados das análises de variância (Tabelas 3.1, 3.2 e 3.3) foi observado que as variáveis PROL, GEMP (local 1 e 2), EMP (local 1 e 3) e FES, DFG, NPC e NEC (local 1, 2 e 3) não apresentaram diferenças significativas ($\alpha > 0,05$) entre os tratamentos e, por isso, estas foram excluídas das análises subsequentes. Para as demais variáveis, cujas diferenças entre tratamentos foram

significativas ($\alpha \leq 0,05$), foi estabelecida uma nova ordem de importância. A ordenação decrescente das mesmas pós-anova foi a seguinte: PROD, DCO, NFG, PEC, APL, QRA, NGF, CES, ALC, RSP e CIC (coluna pós-anova, Tabela 2). A partir destas variáveis foram realizadas as análises de covariância individualmente para cada par de variáveis, bem como as estimativas dos coeficientes de correlação e das respostas correlacionadas correspondentes separadamente a cada local. O significado das siglas mencionadas nesse parágrafo, pode ser encontrado no Anexo 1 ao final da dissertação.

5.2. Análise de Variância

5.2.1. Análise Geral dos Dados

Durante a condução dos experimentos, ocorreram três momentos críticos de estresse. O primeiro aconteceu logo após a implantação do experimento, quando uma forte chuva precipitou sobre a área recém-implantada, interferindo na emergência de alguns tratamentos. Os outros dois momentos aconteceram por estresse hídrico, sendo o primeiro, quando as plantas estavam entrando no estágio fenológico reprodutivo e o segundo, quando as plantas estavam próximas a entrar no estágio fenológico de maturação fisiológica dos grãos. O efeito de estresse hídrico foi mais evidente no experimento conduzido no local 2. Em decorrência disso, houve uma redução da área foliar, como resultado da perda das folhas abaixo da espiga e um comprometimento no enchimento de grãos. Adicionalmente, alguns tratamentos apresentaram problemas de “stand” e, dessa forma, ao invés de 64, foram avaliados 56, 63 e 61 tratamentos no experimento do local 1 (L1), 2 (L2) e 3 (L3), respectivamente.

Encontram-se nas Tabelas 3.1, 3.2 e 3.3, um resumo das análises de variância em blocos ao acaso, correspondentes aos locais L1, L2 e L3, contendo os quadrados médios (QM), valores de significância (p), médias das variáveis e coeficientes de variação para cada uma das variáveis analisadas.

As variáveis EMP de L2 e GEMP de L3 apresentaram diferenças significativas ($\alpha \leq 0,05$) entre os tratamentos com CV da ordem de 11,09% e 7,53%, respectivamente. Independentemente do nível de significância, as variáveis EMP e GEMP, em L1, L2 e L3, apresentaram médias elevadas (Tabelas, 3.1, 3.2 e 3.3), indicando que, de maneira geral, esta população possui espigas com empalhamento compacto e bem fechado. Para NPA de L2 e L3, também foi observado significância ($\alpha \leq 0,01$) entre os tratamentos, sendo que o CV foi de 4,46% e 3,92%, respectivamente. Para ALC, QRA, RSP, APL, DCO, PEC, NFG, NGF, CES e CIC foram observadas diferenças significativas ($\alpha \leq 0,01$) entre os tratamentos nos três locais. Apenas para PROD, para os três locais, o nível de significância entre os tratamentos foi correspondente a $\alpha \leq 0,05$.

Para ALC, a média foi de 33,19, 34,53 e 33,34 graus, com amplitude de 28,50 a 38,33, 28,67 a 39,17 e 29,17 a 37,83 graus e com coeficientes de variação (CV) da ordem de 6,21, 6,71 e 5,82%, em L1, L2 e L3, nesta ordem.

Para QRA, foi observada uma amplitude de 1,07 a 2,93, 1,00 a 2,20 e 1,00 a 2,73 (nota) e médias de 1,67, 1,30 e 1,23 (nota), em L1, L2 e L3, respectivamente. O CV foi de 29,49%, 28,44% e 26,28%, nesta ordem, para os mesmos locais. Observou-se que a magnitude destes foi superior a de todas as outras variáveis analisadas. As médias desta característica, por estarem próximas a 1, podem ser consideradas baixas, uma vez que a nota 1 corresponde à inexistência de raízes adventícias e a nota 3, corresponde à presença de raízes adventícias em apenas um nó basal.

A variável RSP apresentou médias de 16,74, 14,75 e 15,40 ramificações pendão⁻¹, com amplitude de 12,73 a 21,10, 10,17 a 21,03 e 11,43 a 23,03 ramificações pendão⁻¹ e CV da ordem de 9,16%, 10,89% e 15,64%, em L1, L2 e L3, respectivamente. Os valores estimados para esta variável foram similares aos obtido por Aguiar (2003), o qual obteve em média 16,50 ramificações pendão⁻¹ e CV de 10,18%, a partir de uma população F_{2:3}, procedente de linhagens contrastantes de milho.

Em relação a APL, constatou-se uma amplitude de 243 a 315, 197 a 253 e 225 a 277 cm e médias de 280, 228 e 249 cm e CV de 3,59%, 5,35% e 4,73%, em

L1, L2 e L3, respectivamente. Magnitudes similares de média (244 cm) e CV (7,54%) foram obtidas para esta variável por Gama et al. (2003), a partir de uma população sintética de milho. Em cinco populações de milho S₁, derivadas da população BS11, Gusman & Lamkey (2000) obtiveram uma amplitude de variação de 220 a 234 cm e um CV em torno de 4,50%, a partir de famílias endogâmicas S₁, derivadas das populações de milho BR-105 e BR-106. Arias et al. (1999) estimaram médias relativamente inferiores às estimadas para a população em estudo, no entanto, a magnitude do CV obtido por estes autores variou de 4,60 a 6,90%. Valores similares aos obtidos no presente estudo também foram relatados por Pinto et al. (2000).

A variável DCO apresentou amplitude de variação de 1,34 a 1,63, 1,24 a 1,59 e 1,32 a 1,82 cm, com médias de 1,47, 1,40 e 1,52 cm e CV correspondentes a 5,03%, 5,33% e 4,47%, em L1, L2 e L3, respectivamente. Para NFG, foi observada uma amplitude de variação de 12 a 15, 11 a 14 e 12 a 15 fileiras espiga⁻¹, média de 13, 13 e 13 fileiras espiga⁻¹ e CV correspondentes a 4,51%, 4,19% e 4,26%, em L1, L2 e L3, respectivamente.

A variável NGF apresentou médias de 33,64, 33,87 e 37,19 grãos fileira⁻¹, a amplitude de variação foi de 28 a 38, 27 a 39 e 33 a 42 grãos fileira⁻¹ e CV de 6,65%, 7,60% e 6,37%, em L1, L2 e L3, respectivamente. Valores similares ao deste estudo, para as variáveis NFG e NGF, foram estimados por Aguiar (2003) e Arias et al. (1999), a partir de diferentes populações de milho.

Para a variável CES, a amplitude de variação foi de 13,37 a 17,02, 11,62 a 17,67 e 13,68 a 17,56 cm, médias de 15,14, 14,48 e 15,64 cm e CV correspondentes a 5,43%, 6,65% e 5,26%, para L1, L2 e L3, nesta ordem. Para esta variável, Arias et al. (1999) obtiveram um valor de CV variando de 5,5% a 7,3% a partir de seis diferentes tipos de famílias. Aguiar (2003) também obteve um CV de magnitude similar, com valor de 4,30%.

A variável CIC apresentou médias de 72, 81 e 81 dias, com amplitude de variação de 68 a 78, 76 a 87 e 78 a 85 dias e CV de 2,06%, 3,11% e 2,34%, em L1, L2 e L3, nesta ordem. Para esta variável, Silva (2002) obteve CV muito similar ao obtido neste estudo e correspondente a 1,94%.

Para PEC, a amplitude de variação foi de 1,47 a 2,80, 1,33 a 2,93 e 1,93 a 2,90 (nota), as médias foram de 2,29, 2,17 e 2,46 (nota) e os CV de 12,62%, 16,67% e 10,59%, em L1, L2 e L3, respectivamente. A partir da média desta variável nos três locais, conclui-se que a posição da espiga no momento da colheita encontra-se entre as posições oblíqua e pendida. Espigas que tendem a ficar na posição pendida, após a maturação fisiológica, estão menos propensas à infiltração de água, o que por consequência reduz a disposição destas à perda da qualidade dos grãos.

Para PROD, a amplitude de variação foi de 3.914 a 6.177, 3.363 a 6.262 e 3.671 a 6.978 kg ha⁻¹, média de 5.133, 4.797 e 5.502 kg ha⁻¹ e CV de 13,04%, 16,95% e 15,87%, em L1, L2 e L3, respectivamente. As magnitudes dos valores médios de rendimento, estimados em cada um dos experimentos, comprovam o elevado potencial produtivo desta população. Apesar das adversidades de estresse hídrico que atingiram os três experimentos, a produção média nos três locais ainda conseguiu superar a média da cultura obtida no Estado de Santa Catarina (ICEPA, 2005), na mesma safra agrícola (3.500 kg ha⁻¹). Alves et al. (2004b), Balbinot et al. (2004) e Ogliari (2004a) também destacaram o composto MPA1 como o material mais produtivo, dentre 23 variedades crioulas e locais de milho, avaliadas em experimentos conduzidos no Planalto Norte de Santa Catarina, durante a safra 2002/2003; onde a produtividade média alcançou 6.900 kg ha⁻¹. Na safra agrícola 2003/2004, sob condições ideais de precipitação foi observado um rendimento médio de 7.450 kg ha⁻¹ para este mesmo composto (dados ainda não publicados). Deve ser destacado que tais rendimentos foram obtidos em áreas de produção, sem adição de fertilizantes químicos e sob condições de plantio direto.

A precisão experimental estimada para esta variável pode ser considerada boa, pois os trabalhos desenvolvidos por Aguiar (2003), Silva (2002), Arias et al. (1999), Gama et al. (1999), Gusman & Lamkey (2000) e Pinto et al. (2000), em estações experimentais, com diferentes populações e progênies, apresentaram um CV variando entre 12% e 21%, valores estes que estão de acordo com os

valores estimados neste trabalho, cujos experimentos foram desenvolvidos em propriedades de agricultores.

De maneira geral, observa-se que os valores dos CV obtidos neste estudo, apresentaram uma boa precisão experimental, segundo a classificação de Ferreira (1996), uma vez que das 11 variáveis com significância ($\alpha \leq 0,05$) entre os tratamentos, nos três locais, sete (ALC, APL, DCO, NFG, NGF, CES e CIC) apresentaram CV inferiores aos 10% e três variáveis (PEC, RSP e PROD) apresentaram CV próximos aos 15%. Apenas o caráter QRA apresentou CV de elevada magnitude nos três locais.

Deve ser destacado, ainda que os experimentos de seleção recorrente de FMI tenham sido conduzidos em propriedades de agricultores, em áreas normalmente usadas para a condução de lavouras de produção, pode-se considerar que a precisão experimental alcançada neste trabalho foi equivalente aos trabalhos desenvolvidos em estações experimentais. Isso é um indicativo da validade científica dos dados gerados em trabalhos de pesquisa participativa, conduzidos em propriedade de agricultores familiares.

5.2.2. Estimativas de Parâmetros Estatístico-Genéticos

Para cada variável que apresentou diferença significativa ($\alpha \leq 0,05$) entre as FMI, foram estimados os parâmetros σ_g^2 , σ_f^2 , h^2 , CV_g e índice b . As magnitudes destes valores podem ser encontradas nas Tabelas 4.1, 4.2 e 4.3, para L1, L2 e L3, respectivamente.

Ângulo médio entre a nervura central da lâmina e o caule - ALC

Em relação ao L1, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram 3,80 e 5,21 (graus)², respectivamente. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi 72,84%, sendo este um valor de elevada magnitude, em relação as variáveis avaliadas neste local. A estimativa do coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foi 5,87%, o que indica a existência variabilidade genética disponível para

ser explorada pela seleção. Embora a magnitude do índice \hat{b} tenha sido inferior à unidade (0,95), este valor ainda reflete uma condição favorável à seleção.

No local 2, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) apresentaram valores próximos aos obtidos em L1. As magnitudes dessas estimativas corresponderam a 3,02 e 4,76 (graus)², respectivamente. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) corresponderam a 63,42% e 5,10%, respectivamente. Mesmo que o $\hat{C}V_g$ indica a disposição de variabilidade genética a ser explorada, a baixa magnitude do índice \hat{b} (0,76) e a magnitude intermediária do \hat{h}^2 são fatores limitantes para a obtenção de bons ganhos de seleção.

No local 3, a magnitude das estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foi de 1,76 e 3,02 (graus)², respectivamente. O valor estimado para o coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) foi de magnitude inferior àquela obtida para os demais locais, sendo essa equivalente a 58,40%. De maneira similar ao local 2, o índice \hat{b} assumiu um valor da ordem de 0,68, demonstrando ser o principal fator limitante para a obtenção de ganhos substanciais de seleção. A estimativa do grau de variabilidade genética ($\hat{C}V_g$) correspondeu a 3,98%, valor que é relativamente inferior ao estimado nos locais 1 e 2 para esta mesma variável. Isto indica a disponibilidade de variabilidade genética a ser explorada pela seleção, ainda que a transferência desta variável entre gerações via seleção, seja limitada, conforme está sendo indicado pelos valores estimados para \hat{h}^2 e \hat{b} . Para esta variável, não foram encontradas informações na literatura.

Quantidade média de raízes adventícias - QRA

No local 1, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram 0,17 e 0,25 (escala de nota)², respectivamente. A estimativa do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foi 24,93% e, por isso, indica a

existência de variabilidade genética a ser explorada em programas de melhoramento. A estimativa do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) foi 68,19%, enquanto a estimativa do índice \hat{b} foi 0,84, ambos os valores impõem limitações ao ganho de seleção.

No local 2, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) assumiram valores ainda menores do que aqueles do local 1. A magnitude destas estimativas correspondeu a 0,05 e 0,10 (escala de nota)², respectivamente. A estimativa do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) foi 48,37%, cujo valor foi muito inferior ao estimado para o local 1. A estimativa do coeficiente da variação genética ($\hat{C}V_g$) foi 15,90%, valor que é relativamente inferior ao valor estimado para o local 1. No entanto, ainda pode ser considerado de elevada magnitude se comparado com as demais variáveis. A magnitude da estimativa do índice \hat{b} foi 0,56, bastante inferior ao da unidade.

No local 3, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), apresentaram um comportamento muito similar ao do local 2, sendo estimados em 0,06 e 0,10 (escala de nota)², respectivamente. A estimativa do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foi 20,01%, e do índice \hat{b} 0,76. A estimativa do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) foi 63,50%, valor similar ao do local 1. Não foram encontrados dados na literatura para esta variável.

Número médio de ramificações secundárias do pendão - RSP

No local 1, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 3,05 e 3,83 (ramificações pendão⁻¹)², respectivamente. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foram de 79,56% e 10,43%, respectivamente. A estimativa do índice \hat{b} apresentou um valor acima da unidade, da ordem de 1,14. As elevadas magnitudes dos valores estimados para \hat{h}^2 e o índice \hat{b} refletem uma situação bastante favorável

à obtenção de bons ganhos de seleção, já que o valor estimado para o \hat{CV}_g indica a disponibilidade de variabilidade genética a ser explorada.

No local 2, as estimativas dos coeficientes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram 3,76 e 4,57 (ramificações pendão⁻¹)², respectivamente. Os valores dessas variâncias foram similares aos estimados para o local 1. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente de variância genética (\hat{CV}_g) foram de 82,21% e 13,52%, respectivamente. A estimativa do índice \hat{b} , de forma semelhante ao local 1, superou a unidade ao atingir um valor de 1,24.

No local 3, as estimativas dos coeficientes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 3,91 e 5,84 (ramificações pendão⁻¹)², respectivamente, os quais foram similares aos coeficientes estimados para os locais 1 e 2. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi 67,00% e do coeficiente de variância genética (\hat{CV}_g) 12,84%. No entanto, o valor estimado para o índice \hat{b} foi distinto ao estimado para os locais 1 e 2. Este foi de 0,82, o que confere ao caráter uma condição menos favorável a seleção em relação aos locais 1 e 2. A magnitude destas estimativas foram superiores as estimadas por Geraldi (1977), o qual estimou \hat{h}^2 em nível de plantas em 45,80%, o \hat{CV}_g em 8,30% e o índice \hat{b} 1,08, sendo este último muito similar ao estimado para os locais 1 e 2 deste trabalho.

Altura média de planta - APL

No local 1, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 148,17 e 181,90 (cm)², respectivamente. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi 81,46% e do índice \hat{b} 1,21, superior a unidade. O valor estimado para \hat{h}^2 foi um dos maiores para as diferentes variáveis deste local. A estimativa do grau de variabilidade genética (\hat{CV}_g) foi 4,35%. As magnitudes das estimativas de \hat{b} e \hat{h}^2 refletem uma condição favorável para a transferência deste caráter para a próxima geração.

No local 2, de forma similar ao local 1, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) alcançaram magnitudes da ordem de 140,08 e 188,58 (cm)², respectivamente. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente da variação genética ($\hat{C}V_g$) foram 74,28% e 5,25%, respectivamente. A estimativa do índice \hat{b} , embora de magnitude ligeiramente inferior a unidade (0,98), representou uma condição favorável à seleção.

No local 3, de forma similar aos locais 1 e 2, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) apresentaram valores da ordem de 136,97 e 183,42 (cm)², respectivamente. A estimativa do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foram de 74,67% e 4,69%, nesta ordem. O índice \hat{b} foi estimado em 0,99, o que também refletiu uma condição favorável a seleção.

De modo geral, o comportamento da estimativa dos parâmetros genéticos para esta variável foi muito similar nos três locais. As elevadas magnitudes de \hat{h}^2 e do índice \hat{b} proporcionam a esta variável uma excelente condição para a obtenção de ganhos de seleção, nos três locais. O $\hat{C}V_g$ estimado a partir deste estudo, tem sido de magnitude similar a valores obtidos em outros estudos. González et al. (1994), a partir do milho Dentado Composto1, estimaram para este parâmetro valores equivalentes a 1,38 no primeiro ciclo e 5,16 no segundo ciclo. Silva et al. (2001), estimaram para esta variável um $\hat{C}V_g$ de 5,03, a partir do composto de milho ESAM-1. Sob a magnitude deste coeficiente, estes autores destacam a presença de variabilidade genética suficiente de forma a possibilitar a obtenção de bons resultados com a seleção.

Neste estudo, as magnitudes das estimativas $\hat{\sigma}_g^2$, para esta variável, foram altas e, em geral, similares aos valores estimados por Gusman & Lamkey (2000). Estes autores avaliaram o comportamento $\hat{\sigma}_g^2$ em uma população S₁, a partir de diferentes tamanhos efetivos populacionais, e obtiveram valores variando de 138,03 a 387,26. Wolf et al. (2000), para esta mesma variável obtiveram uma

magnitude $\hat{\sigma}_g^2$ correspondente a 210,67, a partir de uma população F₂ de milho. Santos et al. (2005), a partir de famílias de irmãos-germanos, estimaram valores de $\hat{\sigma}_g^2$, na população de ciclo original e na população de terceiro ciclo de seleção, correspondentes a 82,26 e 49,04, respectivamente. Silva et al. (2001) estimaram um valor $\hat{\sigma}_g^2$ correspondente a 80,45 para o composto de milho ESAM-1. Finalmente, Arias et al. (1999) estimaram um valor $\hat{\sigma}_g^2$ igual a 40,60 e 19,72, respectivamente, a partir de FMI das populações BR-105 e BR-106.

Nos três locais, as magnitudes dos coeficientes \hat{h}^2 deste estudo têm sido relativamente altas. Coeficientes de magnitudes similares têm sido estimados por Arias et al. (1999), Santos et al. (2005) e Silva et al. (2004), em experimentos conduzidos em estações experimentais.

Diâmetro médio do colmo – DCO

No local 1, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 2.10^{-4} e 4.10^{-4} (cm)², respectivamente. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi 52,61% e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) 3,06%. O índice \hat{b} foi estimado em 0,69, o que reflete uma condição pouco favorável à seleção, pelo fato de tratar-se de um valor distante da unidade.

No local 2, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) apresentaram um comportamento semelhante as estimativas do local 1, sendo a magnitude destes parâmetros da ordem de 40.10^{-4} e 60.10^{-4} (cm)², respectivamente. Seguindo o mesmo comportamento do local 1, a herdabilidade (\hat{h}^2) foi estimada em 68,39% e o coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) em 4,53%, enquanto o índice \hat{b} foi estimado em 0,85. Embora a estimativa do índice \hat{b} desse local tenha sido superior ao valor estimado no local 1, este ainda confere restrições a obtenção de bons resultados a partir da seleção.

No local 3, o comportamento da estimativa das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), cujas estimativas foram de 80.10^{-4} e 60.10^{-4} (cm)², respectivamente, foi muito similar a dos locais 1 e 2. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foram 79,31% e 5,05%, nesta ordem. De forma diferente a dos locais 1 e 2, o índice \hat{b} foi estimado em 1,13, o que reflete uma condição bastante favorável à seleção. A elevada magnitude relativa da estimativas dos coeficientes \hat{h}^2 e \hat{b} , são indicativos de que é possível obter bons ganhos de seleção para esta variável neste local.

Embora não tenham sido encontrados resultados sobre a magnitude do $\hat{C}V_g$ para esta variável, levando em consideração que a magnitude deste parâmetro é específica para cada característica, faz-se referência por analogia a magnitude do parâmetro desta variável ao valor estimado para a variável APL. Considerando as conclusões de Silva et al. (2001) sobre a magnitude do $\hat{C}V_g$ da variável APL, supõe-se que a magnitude do $\hat{C}V_g$ estimado para esta variável também represente variabilidade genética suficiente para a obtenção de bons ganhos de seleção, embora nos locais 1 e 2 a magnitude do índice \hat{b} esteja apontando para a possibilidade de enfrentamento de dificuldade na sua transferência de uma geração para a outra mediante seleção. No mais, o comportamento dos parâmetros genéticos nos três locais foi similar, exceto para o índice \hat{b} , cuja magnitude alcançou valores acima da unidade no local 3, enquanto nos locais 1 e 2, este valor foi bem inferior a unidade.

Número médio de fileiras de grãos por espiga - NFG

No local 1, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram 0,38 e 0,51 (fileiras espiga⁻¹)², respectivamente. As estimativas da herdabilidade (\hat{h}^2) foi 74,81% e do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) 4,49%. A estimativa do índice \hat{b} alcançou um valor correspondente a unidade, indicando uma condição favorável à seleção.

No local 2, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) tiveram magnitudes muito similares ao do local 1, com valores de 0,23 e 0,33 (fileiras espiga⁻¹)², respectivamente. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade (\hat{h}^2) e da variação genética ($\hat{C}V_g$) alcançaram índices na ordem de 68,63% e 3,58%, respectivamente. O índice \hat{b} foi estimado em 0,85, revelando uma situação menos favorável ao ganho obtido com a seleção.

No local 3, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 0,45 e 0,56 (fileiras espiga⁻¹)², respectivamente, sendo tais magnitudes muito similares aos valores estimados para os locais 1 e 2. As estimativas dos coeficientes de herdabilidade (\hat{h}^2) e da variação genética ($\hat{C}V_g$), foram de magnitude similar as dos locais 1 e 2, sendo estes valores da ordem de 80,05% e 4,93%, respectivamente. O índice \hat{b} foi estimado em 1,16, o que indica uma situação bastante favorável à seleção.

De modo geral, as magnitudes de $\hat{\sigma}_g^2$ para a variável NFG, considerando os três locais, são similares aos estimados por Arias et al. (1999). Estes autores obtiveram magnitudes de 0,40 e 0,30, respectivamente, a partir das populações BR-105 e BR-106. No entanto, Wolf et al. (2000) estimaram um valor ligeiramente superior e equivalente a 1,00.

De maneira geral, as magnitudes de \hat{h}^2 e $\hat{C}V_g$ podem ser consideradas satisfatórias para esta variável, já que esta é um dos componentes de rendimento e, que normalmente assume valores significativamente mais baixos. No entanto, o \hat{h}^2 estimado nos três locais, é muito similar àquele obtido por Arias et al. (1999). Estes autores estimaram para este parâmetro, magnitudes de 0,82 e 0,79, respectivamente, a partir das populações BR-105 e BR-106. No entanto, o índice \hat{b} apresentou um comportamento diferenciado em relação aos locais, sendo que, nos locais 1 e 3, a magnitude deste alcançou a unidade, e no local 2, ficou distante da unidade.

Número médio de grãos por fieira - NGF

No local 1, as estimativas das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 3,14 e 4,81 (grãos fileira⁻¹)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) e o coeficiente da variação genética ($\hat{C}V_g$) foram estimados, respectivamente em 65,26% e 5,26%. A estimativa do índice \hat{b} foi de 0,79, valor que reflete uma condição pouco favorável à seleção.

No local 2, o comportamento das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foi similar ao local 1, sendo que a magnitude destas correspondeu a 4,11 e 6,38 (grãos fileira⁻¹)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) e o coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) apresentaram valores de magnitude considerável da ordem de 64,36% e 5,90%, respectivamente. O índice \hat{b} foi de 0,78, revelando ser um valor similar ao do local 1, que também impõe as mesmas limitações para a seleção.

No local 3, as variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) apresentaram magnitudes da ordem de 1,80 e 3,67 (grãos fileira⁻¹)², respectivamente. Os parâmetros genéticos herdabilidade (\hat{h}^2) e coeficiente de variação genético ($\hat{C}V_g$) foram estimados em 49,09% e 3,61%, nesta ordem. O coeficiente \hat{h}^2 foi de magnitude relativamente inferior aos locais 1 e 2, enquanto o grau de variabilidade genética se manteve adequado para a obtenção de bons ganhos de seleção. No entanto, a magnitude do índice \hat{b} foi apenas de 0,57, o que representa uma condição desfavorável para a transferência do caráter via seleção.

Os parâmetros genéticos estimados no local 1 e 2 são muito similares entre si, mas estes diferem dos valores estimados no local 3. No entanto, as magnitudes dos coeficientes $\hat{\sigma}_g^2$ estimados a partir deste estudo foram similares aos valores estimados por Arias et al. (1999), os quais estimaram magnitudes ligeiramente inferiores e da ordem de 1,53 e 1,15, para as populações BR-105 e BR-106, respectivamente. A mesma consideração é válida para o parâmetro \hat{h}^2 , onde os coeficientes deste estudo foram similares aos estimados por Arias et al. (1999).

Contudo, não foram encontradas estimativas do \hat{CV}_g para esta variável na literatura. No entanto, por este ser um dos componentes de rendimento, comparações deste parâmetro podem ser realizadas a partir da variável PROD que está descrita a seguir. Dessa forma, conclui-se que existe variabilidade genética suficiente para obter bons ganhos de seleção para a variável NGF.

Comprimento médio de espiga - CES

No local 1, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados em 0,67 e 0,89 (cm)², respectivamente. As estimativas dos parâmetros genéticos herdabilidade (\hat{h}^2) e coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foram de 74,76% e 5,39%, respectivamente. O índice \hat{b} alcançou um valor muito próximo ao da unidade (0,99), o que reflete uma situação favorável a seleção.

No local 2, as variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimadas em 1,01 e 1,33 (cm)², respectivamente, o que representa um leve aumento em relação a magnitude das variâncias estimadas para o local 1. A herdabilidade (\hat{h}^2) foi estimada em 76,05% e o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) em 6,84%, sendo estes valores similares aos estimados no local 1. O índice \hat{b} foi estimado em 1,03. Por tratar-se de um valor acima da unidade, reflete uma situação muito favorável à seleção.

No local 3, as variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimadas em 0,56 e 0,79 (cm)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) e o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foram correspondentes a 71,43% e 4,80%, respectivamente. O índice \hat{b} foi estimado em 0,91, o que indica uma condição razoavelmente favorável à seleção.

A magnitude de $\hat{\sigma}_g^2$ estimada para esta variável, nos três locais, foi similar ao valor estimado por Wolf et al. (2000). Estes autores estimaram um valor de 1,04 para este parâmetro. Arias et al. (1999) obtiveram estimativas de $\hat{\sigma}_g^2$ da ordem de 0,28 e 0,21, a partir das populações BR-105 e BR-106, respectivamente.

Tais valores foram relativamente inferiores aos estimados neste estudo. Estes mesmos autores, ainda estimaram coeficientes \hat{h}^2 de 72,00% e 63,00% para as mesmas populações, o que está de acordo com os valores obtidos neste estudo. As estimativas dos demais parâmetros apresentaram magnitudes consideráveis, o que indica a possibilidade de obtenção de bons ganhos com a seleção.

Número de dias até a liberação de pólen - CIC

No local 1, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados em 5,68 e 6,42 (dias)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) e o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) apresentaram magnitudes da ordem de 88,49% e 3,29%, respectivamente. O índice \hat{b} foi estimado em 1,60, valor bastante superior a unidade, o que reflete uma situação favorável à transferência dos atributos desejados via seleção.

No local 2, a magnitude dos coeficientes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foi de 6,33 e 8,44 (dias)², respectivamente, sendo estes valores muito similares aos obtidos no local 1. As magnitudes dos parâmetros herdabilidade (\hat{h}^2) e coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foram de 75,00% e 3,11%, respectivamente. A magnitude do índice \hat{b} foi de 1,00, o que representa uma condição favorável para a seleção.

No local 3, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados em 1,10 e 2,31 (dias)², respectivamente. O coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foi equivalente a 1,29% e a herdabilidade (\hat{h}^2) foi muito inferior ao valor estimado para os locais 1 e 2, sendo este de 47,71%. O valor estimado para o índice \hat{b} também foi baixo (0,55), indicando serem estes os parâmetros capazes de impor limitações às estimativas de ganho com a seleção.

O valor de $\hat{\sigma}_g^2$ estimado por Wolf et al. (2000) para esta variável foi de 1,04, sendo este valor muito similar ao obtido para o local 1. No entanto, Resende et al. (1997), a partir de um estudo realizado em solo de cerrado e solo fértil, estimaram

para este parâmetro um valor de 3,12 e 1,71, respectivamente, na população BR-108. De uma maneira geral, estes dados estão de acordo com os valores estimados neste estudo.

Em relação ao coeficiente \hat{h}^2 , o valor estimado por Silva et al. (2004) foi da ordem de 83,00%, sendo este valor similar aos coeficientes estimados nos locais 1 e 2. Por outro lado, os valores de 52,00% e 59,00% estimados por Resende et al. (1997), para solo de cerrado e solo fértil, respectivamente, foram similares aqueles obtidos para o local 3.

Posição média da espiga na colheita - PEC

No local 1, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados em 0,05 e 0,08 (escala de nota)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) e o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foram estimados em 63,45 e 9,60%, respectivamente. O índice \hat{b} foi de 0,76. A baixa magnitude do índice \hat{b} associado ao h^2 , de magnitude intermediária, são os principais oponentes para a obtenção de bons ganhos de seleção.

No local 2, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 0,09 e 0,13 (escala de nota)², respectivamente. Estes valores foram muito similares aos estimados para o local 1. A herdabilidade (\hat{h}^2) foi estimada em 65,38% e o coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) em 13,23%. As magnitudes destes coeficientes foram muito similares àquelas estimadas para o local 1. O índice \hat{b} foi de 0,79, indicando uma condição pouco favorável à seleção.

No local 3, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de magnitudes correspondentes a 0,03 e 0,06 (escala de nota)², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) assumiu um valor relativamente mais baixo e da ordem de 59,22%. O coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foi de 7,37% e o índice \hat{b} correspondeu a apenas 0,70. Este último indica uma condição pouco

favorável à seleção. Lembra-se que para esta variável não foram encontradas informações na literatura.

Produtividade de grãos - PROD

No local 1, os componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram estimados em 68.933,68 e 218.370,99 (kg ha^{-1})², respectivamente. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi de 31,57%, sendo este um valor considerado relativamente baixo. O grau de variabilidade genética ($\hat{C}V_g$) foi estimado em 5,11%. Ainda que este seja suficientemente grande para possibilitar bons ganhos de seleção, a maior limitação ao progresso esperado com a seleção foi imposta pela magnitude do índice \hat{b} , que foi de apenas 0,39.

No local 2, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram da ordem de 140.438,74 e 372.222,26 (kg ha^{-1})², respectivamente. A herdabilidade (\hat{h}^2) foi estimada em 37,73%, a qual foi similar a estimada para o local 1, embora seja baixa. O coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foi de 7,62%, o que representa um bom grau de variabilidade genética a ser explorado. Da mesma forma que no local 1, o índice \hat{b} foi baixo e da ordem de 0,45. A análise destes valores reflete uma situação muito desfavorável à seleção.

No local 3, as estimativas dos componentes das variâncias genética ($\hat{\sigma}_g^2$) e fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$) foram de 150.914,34 e 404.942,45 (kg ha^{-1})², respectivamente. A estimativa da herdabilidade (\hat{h}^2) foi baixa, da ordem de 37,27%. Similarmente às magnitudes obtidas para os locais 1 e 2, o coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foi estimado em 7,06%. A magnitude do índice \hat{b} refletiu uma situação relativamente desfavorável à seleção, pois este foi equivalente a 0,45.

O comportamento dos parâmetros genéticos foi muito similar nos três locais. Dentre estes, o coeficiente \hat{h}^2 e o índice \hat{b} impõem as maiores limitações ao ganho de seleção para a variável PROD. A estimativa da produtividade média pode ser realizada a partir de diferentes componentes de rendimento. Gama et al.

(2003) estimaram parâmetros estatístico-genéticos a partir do peso de espigas desempalhadas. De forma similar a este estudo, estes autores obtiveram elevadas magnitudes para os coeficientes $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_f^2$. No entanto, para o $\hat{C}V_g$ e o índice \hat{b} , foram estimados valores relativamente inferiores aos obtidos neste estudo. Os valores das variâncias $\hat{\sigma}_g^2$ e $\hat{\sigma}_f^2$ para PROD, estimados por Matta & Viana (2003), a partir de FMI de milho-pipoca, também assumiram valores muito similares aos obtidos neste estudo.

Carvalho et al. (2003a) avaliaram a população CPATC-3 e usaram o peso de espiga para estimar a produtividade. A partir disto, estimaram o coeficiente de \hat{h}^2 (40,02%, 48,59% e 40,20%), o $\hat{C}V_g$ (6,56%, 10,96% e 6,13%) e o índice \hat{b} (0,53, 1,09 e 0,50), para três ciclos sucessivos, respectivamente. Mesmo que as magnitudes dos coeficientes \hat{h}^2 , $\hat{C}V_g$ e índice \hat{b} foram relativamente baixas, estes autores concluíram que a população ainda possuía variabilidade genética suficiente para conseguir bons aumentos na produção de espigas.

Carvalho et al. (2003b) estimaram parâmetros estatístico-genéticos na população BR 5028-São Francisco de ciclo original, ciclo I e ciclo II para o peso dos grãos da espiga e dos ciclos VI ao XV, para o peso das espigas. O coeficiente \hat{h}^2 variou de 4,20% a 83,10%, ainda que a maioria dos valores estivesse próximo a 40%. Adicionalmente, Santos et al. (2005) também obtiveram coeficientes \hat{h}^2 de magnitude intermediária (65,63%), na população de ciclo original e na população de terceiro ciclo de seleção (56,61%). Estes autores estimaram uma amplitude de variação para $\hat{C}V_g$ de 2,1% a 16,4%, tendo a maioria dos valores próximos a 7%. Para o índice \hat{b} , a amplitude de variação foi de 0,1 a 1,6, sendo a maioria próximo a 0,65.

Geraldi (1977) também estimou valores similares para a variável PROD, cujo $\hat{C}V_g$ raramente excedeu os 10%. Nesse trabalho o autor considerou 7% um valor médio comum, assim como valores acima de 10% foram considerados altos para este caráter. A magnitude do índice \hat{b} deste estudo assumiu um valor ligeiramente superior ao estimado por Geraldi (1977). Este autor observou que

raramente o índice \hat{b} excedeu a 0,70 e considerou 0,45 um valor médio comum para este parâmetro.

Magnitudes ligeiramente inferiores ao deste estudo foram obtidas por Matta & Viana (2003), os quais estimaram para o coeficiente \hat{h}^2 um valor correspondente a 25,43%. Silva et al. (2001) obtiveram um \hat{CV}_g de 5,92% para PROD, a partir do composto de milho ESAM-1, que é um valor ligeiramente superior ao estimado para o local 1, e ligeiramente inferior aos estimados nos locais 2 e 3.

Comentários Gerais sobre os parâmetros σ_g^2 , σ_f^2 , h^2 , CV_g e b

As estimativas da variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$) e do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) são importantes parâmetros para antever o sucesso de um programa de seleção. Em relação ao \hat{h}^2 , foram observados valores de baixa magnitude apenas para os caracteres QRA do local 2, CIC do local 3 e PROD dos três locais. As estimativas do coeficiente de variação genética (\hat{CV}_g) foram consideradas de magnitude similar entre as variáveis avaliadas, exceto para QRA, RSP e PEC que nos três locais apresentaram magnitudes relativamente superiores às demais variáveis. Aliado a isto, considerando àquelas variáveis para as quais foram encontrados valores similares na literatura para o \hat{CV}_g , podemos concluir que de forma geral existe bastante variabilidade genética para ser explorada na seleção para as características avaliadas. Contudo, a magnitude do índice \hat{b} tem indicado que haverá dificuldade na exploração da variabilidade genética de algumas variáveis.

É importante salientar que cada um dos três experimentos continha um conjunto diferente de famílias de meio-irmãos da população composta MPA1. Cada um desses experimentos foi conduzido apenas em um local. Tal fato impediu a quantificação dos efeitos da interação genótipo x ambiente e, conseqüentemente, contribuiu para a superestimativa dos coeficientes \hat{CV}_g , \hat{h}^2 e $\hat{\sigma}_g^2$. Ainda assim, os dados estimados mostraram que é possível a obtenção de

avanços significativos com a seleção para a maioria dos caracteres priorizados pelos agricultores. Esta abordagem será contemplada no próximo item.

5.2.3. Progresso Esperado com a Seleção Direta

De uma forma geral, as maiores magnitudes de ganhos de seleção para uma variável são estimadas a partir da seleção direta sobre esta mesma variável. Assim sendo, o presente item trata dos ganhos diretos de seleção efetuados a partir das variáveis que apresentaram diferenças significativas ($\alpha \leq 0,05$) entre médias de FMI, tais como ALC, QRA, RSP, APL, DCO, PEC, NFG, NGF, CES, CIC e PROD.

Encontram-se nas Tabelas 5.1, 5.2 e 5.3, as estimativas das médias das referidas variáveis para a população original (\bar{X}_o), o coeficiente herdabilidade no sentido restrito (\hat{h}^2), as médias das FMI selecionadas (\bar{X}_s), os ganhos diretos e indiretos obtidos com a seleção a partir do diferencial de seleção (ΔS) e da seleção truncada (ST), em valores absolutos e em percentuais, considerando uma intensidade de seleção correspondente a 25%, para os locais L1, L2 e L3, respectivamente.

A esta intensidade de seleção, o tamanho efetivo populacional (N_e) correspondeu a 176, considerando as famílias selecionadas nos três experimentos. Esta quantidade está muito acima daquela, normalmente, utilizada em programas de melhoramento conduzidos a médio e em longo prazo, cujos tamanhos efetivos recomendados são da ordem de 30 a 40 (Souza Jr, 1998).

A manutenção de tamanhos efetivos elevados durante os ciclos de seleção recorrente permite a obtenção de ganhos genéticos sem os prejuízos decorrentes da redução de variabilidade. Além de permitir o desenvolvimento de programas em longo prazo, garante a disponibilidade de variabilidade para a realização de muitos ciclos de seleção, que podem ser conduzidos por agricultores em suas propriedades, também aumenta a possibilidade do desenvolvimento de populações com maior estabilidade frente aos sistemas de produção realizados em ambientes estressados.

Ângulo médio entre a nervura central da lâmina e o caule - ALC

A diminuição da média da variável ALC permite o cultivo da população em maior densidade. Além disso, folhas em posição mais ereta possibilitam um melhor aproveitamento da radiação solar para convertê-la em fotoassimilados, que podem ser depositados na formação dos grãos (Magalhães & Silva, 1987). Ambas as situações são favoráveis ao aumento do potencial de produtividade. Contudo, deve-se lembrar que o aumento da densidade do cultivo pode representar uma maior exigência por água e nutrientes, sendo ambos muitas vezes limitantes nas áreas de cultivo de variedades locais e crioulos. Portanto, ao praticar seleção direta sobre a variável ALC, a partir do ΔS , foram estimados ganhos de seleção da ordem de 5,35%, 4,94% e 3,54%, os quais resultaram na redução da média do ângulo de abertura das folhas em relação ao caule em 1,78, 1,68 e 1,18 graus, em L1, L2 e L3, respectivamente. A magnitude da redução estimada a partir da ST foi correspondente a 6,37%, 5,16% e 3,87%, para L1, L2 e L3, respectivamente.

De uma forma consistente, a magnitude do coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) foi similar nos três locais. Assim sendo, os coeficientes de herdabilidade (\hat{h}^2) e índice \hat{b} foram determinantes para o estabelecimento das diferentes magnitudes observadas para os ganhos de seleção, obtidas para os diferentes locais. Tais coeficientes (\hat{h}^2 e \hat{b}) apresentaram magnitudes decrescentes, em L1, L2 e L3, nesta ordem.

Quantidade média de raízes adventícias - QRA

A QRA é um importante caráter estrutural que confere suporte às plantas (Magalhães e Silva, 1987), principalmente, para populações de estatura elevada. Desta forma, entende-se que esta variável tenha uma relação com o tombamento de plantas. Ainda que o caráter número de plantas acamadas (NPA) não tenha sido destacado pelos agricultores, como prioritário para a avaliação (Tabela 2), em comunicação pessoal e informal com os mesmos, ficou evidente que, o NPA está condicionado à densidade de cultivo e a presença de raízes adventícias. Por esta razão, o presente trabalho considerou como condição favorável à seleção, o aumento da média de QRA. A partir do ΔS foram estimados ganhos de seleção de

magnitudes correspondentes a 29,62%, 16,67% e 21,51%. Estes valores foram equivalentes a um aumento médio de 0,49, 0,23 e 0,26 na escala de notas, para L1, L2 e L3, respectivamente. A partir da ST , foram estimados ganhos de seleção da ordem 26,16%, 14,05% e 20,26%, para L1, L2 e L3, respectivamente.

De forma consistente, a magnitude superior do coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) e índice \hat{b} associados às estimativas obtidas para o local 1, foram as principais causas da magnitude superior do ganho esperado com a seleção para esta variável.

Número médio de ramificações secundárias do pendão - RSP

Embora em nenhum dos experimentos desenvolvidos neste estudo, tenham sido evidenciadas correlações genéticas significativas entre RSP e PROD (Tabela 7), vários trabalhos na literatura, indicam o efeito negativo deste caráter sobre a produtividade (Chapman & Edmeades 1999; Fakorede & Mock 1978; Geraldi, 1977; Magalhães & Silva 1987; Paterniani, 1981; Schuetz & Mock, 1978). Dentre os efeitos negativos conferidos por RSP sobre PROD, destacam-se inicialmente a dominância apical que o primeiro exerce sobre os componentes da produtividade, fazendo com que, sob efeitos de estresse hídrico, o deslocamento de compostos fotossintéticos seja direcionado prioritariamente para o pendão, em detrimento da energia que deveria ser transferida para os grãos. Paterniani (1981) complementa que a redução do tamanho do pendão a partir do RSP é uma forma eficaz de aumentar a produtividade, pois nestes casos RSP requer menor quantidade de fotoassimilados.

Magalhães & Silva (1987) também defendem a redução do caráter RSP, em função da radiação solar que este e as panículas interceptam e que deixa de ser convertida em fotoassimilados para a produção de matéria seca. Portanto, existem razões suficientes para a redução da média deste caráter na presente população submetida à seleção.

A seleção favorável para a redução da média desta variável a partir do ΔS resultou em ganhos de seleção da ordem de 11,56%, 16,16% e 11,71%. Estas percentagens corresponderam a uma redução média de 1,94, 2,32 e 1,80

ramificações secundárias do pendão, em L1, L2 e L3, respectivamente. A partir da ST , foram estimados ganhos de seleção de magnitude igual a 11,83%, 15,58% e 13,36%, em L1, L2 e L3, nesta ordem. Portanto, as magnitudes dos ganhos de seleção obtidos neste estudo, podem ser consideradas elevadas. Chapman & Edmeades (1999) obtiveram um ganho de seleção favorável à redução da média do caráter em apenas 5,90%, ainda que a partir de uma intensidade de seleção maior (8%) do que a usada no presente trabalho.

O ganho de seleção estimado a partir da seleção direta para RSP, em L2, foi ligeiramente superior aos ganhos de seleção estimados em L1 e L3. Estes resultados foram reflexos dos valores obtidos para o coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2), uma vez que a estimativa deste parâmetro em L2 foi ligeiramente superior aos demais, enquanto o coeficiente de variação genética ($\hat{C}V_g$) e índice \hat{b} , apresentaram valores similares, nos três locais.

Altura média de plantas - APL

A altura de plantas é um dos principais caracteres focados em programas de melhoramento. Dentre as principais razões para a diminuição da média deste caráter, relata-se a redução da exposição das plantas ao tombamento e quebra. Neste sentido, vários trabalhos têm sido desenvolvidos para a redução da média deste caráter (Cepeda et al., 2000; Gama et al., 2003; Resende et al., 1997; Silva et al., 2001).

Os ganhos de seleção estimados a partir do ΔS , nos três experimentos, foram de 4,72%, 5,48% e 4,94%, os quais foram equivalentes a uma redução média de 13, 12, e 12 cm na estatura média da população, em L1, L2 e L3, respectivamente. Os valores estimados a partir da ST foram correspondentes a 4,99%, 5,75% e 5,15%, em L1, L2 e L3, nesta mesma ordem. Conforme destacado anteriormente, o resultado dos ganhos de seleção estimados a partir deste estudo foram superiores aos estimados por Chapman & Edmeades (1999), os quais obtiveram um ganho de seleção de 0,70% de redução para este caráter, a uma intensidade de seleção de 8%. No entanto, os valores estimados por Arias & Souza Jr (1998) foram superiores ao do estudo anterior. Estes autores estimaram

ganhos de seleção de 8,40% e 6,00%, respectivamente, a partir das populações BR-105 e BR-106, a uma intensidade de seleção da ordem de 20%. Geraldi (1977), a 10% de intensidade de seleção, estimou ganhos correspondentes a 10,32% e 13,88% para FMI obtidas a partir da população composta dentado A de grãos amarelos e grãos brancos, respectivamente.

As magnitudes dos ganhos diretos de seleção estimados para a variável APL foram similares nos três locais. A razão disto deve-se ao fato dos parâmetros genéticos \hat{h}^2 , $\hat{C}V_g$ e índice \hat{b} também tem sido similares entre os seus valores.

Diâmetro médio do colmo - DCO

A partir do ΔS , foram estimados ganhos de seleção favorável ao aumento da média do DCO da ordem de 2,71%, 4,78% e 5,75%. Estas magnitudes foram correspondentes a um aumento médio de 0,04, 0,07 e 0,09 cm, em L1, L2 e L3, nesta ordem. A partir da ST , foram estimados ganhos de seleção de 2,82%, 4,76% e 5,72% para os mesmos locais, respectivamente. Embora não tenham sido encontradas referências a despeito deste caráter, o aumento da média deste pode ser considerado baixo.

O ganho de seleção estimado, a partir da seleção direta sobre DCO, apresentou magnitude inferior em L1, quando comparado a L2 e L3. A possível causa destas diferenças é decorrente dos valores inferiores obtidos para os coeficientes herdabilidade (\hat{h}^2) e índice \hat{b} , em L1.

Número médio de fileiras de grãos espiga⁻¹ - NFG

A partir do ΔS , foram estimados ganhos de seleção da ordem de 4,66%, 3,45% e 5,88%, para NFG, em L1, L2 e L3, respectivamente. Tais valores corresponderam a um aumento médio de 0,64, 0,46 e 0,80 fileiras espiga⁻¹, para os mesmos locais. Os valores estimados a partir da ST foram correspondentes a 4,93%, 3,77% e 5,60% para os três locais, nesta ordem. As magnitudes do ganho de seleção estimadas a partir deste trabalho foram inferiores às estimadas por Geraldi (1977), cujos ganhos de seleção foram correspondentes a 8,28% e 6,99%,

para FMI derivadas da população composta dentado A de grãos amarelos e grãos brancos, respectivamente, selecionadas a uma intensidade de seleção de 10%.

O ganho direto de seleção estimado a partir do NFG em L2 foi ligeiramente inferior às magnitudes dos ganhos de seleção estimados para esta variável em L1 e L3. A possível razão disto deve-se ao coeficiente herdabilidade (\hat{h}^2) que também foi ligeiramente inferior neste local (L1), em relação aos demais locais (L2 e L3), cujas estimativas foram de magnitudes similares.

Número médio de grãos fileira⁻¹ - NGF

A partir do ΔS , foi estimado um ganho de seleção para NGF da ordem de 5,27%, 5,83% e 3,22%, em L1, L2 e L3, nesta ordem. Estas magnitudes foram correspondentes a um aumento médio de 1,77, 2,00 e 1,20 grãos fileira⁻¹, em L1, L2 e L3, respectivamente. Os valores estimados a partir da ST foram de 5,41%, 6,01% e 3,21%, em L1, L2 e L3, respectivamente. Resultados similares aos obtidos neste estudo foram estimados por Geraldi (1977), o qual estimou ganhos de seleção de 4,39% e 3,11%, a partir de FMI da população composta dentado A de grãos amarelos e grãos brancos, respectivamente, selecionado a 10% de intensidade de seleção.

O ganho direto de seleção estimado a partir de L3 foi inferior aos ganhos estimados a partir de L1 e L2. A principal razão disso decorre do menor coeficiente de herdabilidade (\hat{h}^2) e índice \hat{b} , obtidos naquele local.

Comprimento médio de espiga - CES

Selecionou-se favoravelmente para aumentar a média do CES. Os ganhos de seleção estimados a partir do ΔS foram de 6,18%, 7,25% e 5,27% em L1, L2 e L3, respectivamente. Tais percentagens corresponderam a um aumento médio de 0,94, 1,07 e 0,82 cm para as populações avaliadas em L1, L2 e L3, respectivamente. As magnitudes dos ganhos de seleção estimados a partir da ST foram correspondentes a 5,93%, 7,58% e 5,16%.

De modo geral, as médias dos caracteres NFG, NGF e CES tendem ser melhoradas simultaneamente, em razão das correlações positivas que estas variáveis estabelecem com a produtividade (Bolaños & Edmeades, 1996).

A magnitude do ganho direto de seleção estimado para CES foi similar nos três locais, possivelmente pela similaridade das magnitudes dos parâmetros estatístico-genéticos estimados para as variáveis nos três locais.

Número de dias entre a emergência e liberação de pólen - CIC

A partir do ΔS , foram estimadas reduções médias de CIC correspondentes a 3,36%, 3,02% e 1,12%, em L1, L2 e L3, nesta ordem. Em valor absoluto, o progresso foi equivalente a uma redução média de 2, 2 e 1 dia, nos mesmos locais. As magnitudes estimadas a partir da ST foram de 3,94%, 3,42%, e 1,13%, em L1, L2 e L3, respectivamente. Os valores estimados neste estudo foram ligeiramente inferiores aos estimados por Resende et al. (1997), os quais obtiveram um ganho de 3,84% e 4,73%, em dois ambientes, a 10% de intensidade de seleção. O ganho de seleção estimado por Chapman & Edmeades (1999) foi superior ao estimado neste estudo, cujo valor foi correspondente a 5,90%, a partir de famílias S_1 selecionadas a 8% de intensidade.

O ganho direto de seleção estimado para CIC foi menor em L3, se comparado com L1 e L2. No entanto, o coeficiente herdabilidade (\hat{h}^2) e o índice \hat{b} , estimados para esta variável em L3, também foram inferiores aos mesmos parâmetros estimados em L1 e L2.

Posição média da espiga na colheita - PEC

O ganho de seleção estimado para PEC a partir do ΔS foi de 8,56%, 12,55% e 6,56%, para L1, L2 e L3, respectivamente. Tais percentagens corresponderam a um aumento médio de 0,20, 0,28 e 0,16, na escala de notas. Os valores estimados, a partir da ST , foram de 9,72%, 7,02% e 7,21%, em L1, L2 e L3, respectivamente. As magnitudes dos ganhos de seleção estimados para esta variável foram superiores às estimadas para os outros caracteres considerados neste estudo, com exceção de QRA e RSP. Não foram encontrados dados sobre ganho de seleção para este caráter na literatura.

Para a variável PEC, foi estimado um ganho de seleção direto de magnitude diferenciada nos três locais. Estes valores devem ter sido obtidos em parte, pela contribuição da herdabilidade (\hat{h}^2), a qual tem apresentado pequenas

diferenças de magnitude entre os três locais e também pelo coeficiente de variabilidade genética, que apresentou magnitude diferenciada entre os três locais.

Produtividade de grãos (kg ha^{-1}) - PROD

Raros são os trabalhos de melhoramento de milho que não requerem o aumento da produtividade. Foram estimados ganhos diretos de seleção para PROD correspondentes a 3,79%, 5,87% e 5,69%, a partir do ΔS . Estas percentagens foram equivalentes a um aumento médio de 194,51, 288,65 e 313,04 kg ha^{-1} , em L1, L2 e L3, respectivamente. A partir da ST , foram estimados ganhos de seleção da ordem de 3,65%, 5,95% e 5,48%, nesta mesma ordem, para os referidos locais.

As magnitudes dos ganhos de seleção, estimados a partir deste estudo, foram similares aos estimados por Weyhrich et al. (1998). Estes autores obtiveram estimativas de ganhos de seleção, que variaram de 0,6% a 5,8%, a partir de diferentes progênies da população BS11 e a 20% de intensidade de seleção. De forma similar, Fakorede & Mock (1978) estimaram ganhos de seleção de 5,51%, a partir do cruzamento de duas populações híbridas com duas populações de polinização aberta. Resende et al. (1997), a partir de dois experimentos conduzidos com FMI derivadas da população BR-108, em solo cerrado e fértil, estimaram ganhos de seleção de 3,84% e 4,73%, respectivamente, a uma intensidade de seleção de 10%. Finalmente, Santos et al. (2005) estimaram um ganho de seleção correspondente a 4,07%, a partir de seleção recorrente recíproca com as populações IG-I e IG-II, a 20% de intensidade de seleção.

Os ganhos de seleção estimados a partir deste estudo foram superiores aos estimados por Cepeda et al. (2000) e Paterniani & Vencovsky (1978). A partir destes trabalhos, foram estimados ganhos de seleção da ordem de 1,0% e 3,5%, respectivamente. Estes autores justificam os baixos ganhos de seleção, em razão da adoção de elevados tamanhos efetivos populacionais durante a seleção.

Por outro lado, os ganhos de seleção estimados no presente trabalho foram inferiores aos ganhos de seleção estimados por Arias & Souza Jr (1998). Estes autores estimaram ganhos de 18,0% e 13,8%, a partir das populações BR-105 e BR-106, respectivamente, a uma intensidade de seleção de 20%. Carvalho et al.

(2003b) estimaram um ganho de seleção de 14,3%, a partir da variedade BR 5028 - São Francisco, usando uma intensidade de seleção de 10%. Contudo, é importante resaltar que os ganhos estimados no presente trabalho foram baseados na seleção de 25% das famílias e um valor de N_e elevado, considerando os propósitos para os quais essa população está sendo selecionada, ou seja, no melhoramento de alguns atributos de interesse dos agricultores, mas sem comprometimento da variabilidade requerida para sistemas de produção de risco.

O ganho direto de seleção, estimado para PROD, foi inferior em L1, se comparado L2 e L3. Dentre as possíveis causas, destacam-se os baixos valores estimados para o coeficiente herdabilidade (\hat{h}^2) e índice \hat{b} , naquele local.

5.3. Análise de Covariância

A partir de ALC, QRA, RSP, APL, DCO, PEC, NFG, NGF, CES, CIC e PROD, foram formados 55 pares de variáveis para cada local. Da soma das médias das variáveis combinadas ($X + Y$) realizou-se uma análise de variância. A partir dos quadrados médios individuais de cada variável X e Y em L1, L2 e L3 (Tabelas 3.1, 3.2 e 3.3), respectivamente, e dos quadrados médios da combinação destas variáveis ($X + Y$), foram derivadas as estimativas dos produtos médios e suas respectivas esperanças de produtos médios, as quais corresponderam à covariância (σ_{xy}) de cada fonte de variação envolvida na análise de covariância.

Encontram-se nas Tabelas 6.1, 6.2 e 6.3, as estimativas dos quadrados médios da soma referente ao par de variáveis ($X + Y$) e dos produtos médios referentes a cada fonte de variação e suas respectivas covariâncias (σ_{xy}), para L1, L2 e L3, respectivamente. Por sua vez, na Tabela 7, podem ser encontradas as estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_f), genotípica (\hat{r}_g) e de ambiente (\hat{r}_a), suas respectivas significâncias e intervalos de confiança para os 55 pares de variáveis analisadas individualmente para L1, L2 e L3.

Os ganhos indiretos de seleção foram estimados para todas as variáveis que, a partir da PROD, apresentaram coeficientes de correlação genotípica (\hat{r}_g)

significativos, associados a coeficientes angulares da regressão linear (β) significativos ($\alpha \leq 0,05$) ou não significativos ($\alpha \geq 0,05$). Os ganhos indiretos de seleção foram estimados a partir do diferencial de seleção (ΔS) e da seleção truncada (ST), a uma intensidade de seleção de 25%. Em razão da estimativa do ganho de seleção, estimado a partir da ST ser decorrente de unidades de desvio-padrão, possivelmente os valores estimados a partir destes sofrem menos interferência do ambiente, em relação aos valores estimados a partir do ΔS . Ambas as formas são descritas por Cruz & Regazzi (2001) e Vencovsky & Barriga (1992).

Nas Tabelas 5.1, 5.2 e 5.3, podem ser encontradas as estimativas médias dos caracteres na população original (\bar{X}_o), os coeficientes de herdabilidade (h^2), as médias das FMI selecionadas (\bar{X}_s), os ganhos diretos e indiretos de seleção, praticados a uma intensidade de seleção de 25%, a partir de ΔS e ST , em valores absolutos e em percentuais, para as 55 combinações entre pares de variáveis analisadas em L1, L2 e L3, respectivamente.

5.3.1. Correlações Fenotípicas, Genotípicas e de Ambiente

5.3.1.1. Ganho Indireto a partir da Seleção Direta para PROD em L1

Devido ao grande número de coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) significativos ($\alpha \leq 0,05$), optou-se por descrever as correlações e estimativas de ganhos indiretos de seleção apenas para àquelas variáveis que apresentaram coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com PROD, independentemente da significância de β . Para as demais combinações de variáveis, que apresentaram coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$), foram apenas descritas as magnitudes e o sentido de suas correlações. No entanto, nas Tabelas 5.1, 5.2 e 5.3, podem ser encontradas todos os ganhos indiretos de seleção para todas as combinações de variáveis analisadas em L1, L2 e L3, respectivamente.

Dentre as 55 combinações entre pares de variáveis, 10 apresentaram coeficientes de correlação ambiental (\hat{r}_a) significativos ($\alpha \leq 0,05$). As magnitudes de seus coeficientes foram relativamente baixas e exclusivamente de ordem positiva, indicando que o efeito de ambiente não foi a principal razão para o estabelecimento de correlação entre as variáveis. O intervalo entre as magnitudes dos coeficientes variou de 0,27 (APL x DCO) a 0,64 (NGF x CES). Dentre os referidos 10 pares, seis apresentaram significância unicamente para o coeficiente \hat{r}_a (Tabela 7).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_f) apresentaram amplitude de variação de -0,41 (CIC x PROD) a 0,62 (CIC x APL). Dentre os coeficientes \hat{r}_f que apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$), poucas foram as combinações entre variáveis que apresentaram coeficientes de elevada magnitude. Estas foram restritas às combinações APL x CIC (0,62), APL x CES (0,57), APL x QRA (0,55), QRA x CIC (0,53), NGF x CES (0,53) e NGF x PROD (0,51). Dentre as combinações de caracteres que apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$), tanto para o \hat{r}_f quanto para o \hat{r}_g , apenas o par DCO x CES apresentou coeficiente \hat{r}_f com magnitude superior ao \hat{r}_g (Tabela 7). Em momento algum, foi observado significância ($\alpha \leq 0,05$) exclusivamente para o coeficiente de correlação \hat{r}_f , ou seja, em todas as situações onde o coeficiente de \hat{r}_f foi significativo, este mesmo par também apresentou \hat{r}_g significativo. Tal fato indicou que as correlações entre os pares de variáveis deste estudo são de efeito genético, portanto, passíveis de serem transferidas às gerações subseqüentes (Tabela 7).

Para o coeficiente \hat{r}_g , foi observada uma amplitude de -0,77 (QRA x PROD) a 0,75 (APL x CIC). Várias combinações entre pares de variáveis apresentaram elevados coeficientes \hat{r}_g , dentre os quais podem ser observadas estimativas de ordem positiva e negativa.

Ao comparar a quantidade de combinações que apresentaram coeficientes significativos ($\alpha \leq 0,05$), independente do tipo de correlação (\hat{r}_g , \hat{r}_f e \hat{r}_a), foi

possível constatar que os coeficientes \hat{r}_g foram observados em muito mais pares de variáveis do que os coeficientes \hat{r}_f e \hat{r}_a (Tabela 7). Dentre as combinações de variáveis estabelecidas a partir de PROD, todas aquelas que apresentaram coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) também apresentaram significância para seus respectivos coeficientes angulares (β), indicando que a seleção em X pode acarretar um incremento ou uma redução de grande magnitude em Y . As combinações entre PROD com as variáveis ALC, APL, NFG e CES não apresentaram \hat{r}_g significativos para $\alpha \leq 0,05$, indicando que tais pares XY não são significativamente modificados quando é feita seleção sobre PROD, por esse motivo foram excluídas das análises (Tabela 6.1 e Tabela 7).

Considerando a variável PROD, observou-se que a mesma apresentou \hat{r}_g significativo ($\alpha \leq 0,05$) com QRA, DCO, CIC e NGF. As magnitudes destes coeficientes foram correspondentes a -0,77, -0,76, -0,65 e 0,61, respectivamente. Estas correlações sugerem que as FMI mais produtivas tenderam a apresentar médias relativamente mais baixas para QRA, DCO e CIC e, simultaneamente, mais elevadas para NGF.

Mediante seleção favorável para o aumento da média populacional de PROD, conforme priorizado pelos agricultores (Tabela 2), reduções nas médias dos caracteres QRA, DCO e CIC podem ser promovidas indiretamente, a partir da resposta correlacionada (Tabela 5.1). Dentre estas, é desejável reduzir apenas a média da variável CIC, mas aumentar a média das variáveis QRA e DCO. Segundo Magalhães & Silva (1987), as raízes adventícias e o diâmetro de colmo são variáveis estruturais que conferem suporte, resistência ao tombamento e quebra dos colmos e, por essa razão, justifica-se aumentá-las.

O efeito de \hat{r}_g sobre tais variáveis foi confirmado pelas estimativas do ganho de seleção sobre a variável PROD e da resposta indireta para as variáveis QRA, DCO, CIC e NGF. Desta forma, ao efetuar seleção para PROD, a partir do ΔS , deixa-se de ganhar 117,76% para QRA, 84,44% para DCO, 74,62% para CIC

e 43,93% para NGF, em relação à resposta de seleção estimada para as mesmas variáveis, a partir da seleção direta sobre QRA, DCO, CIC e NGF.

A partir da ST , foram estimadas reduções indiretas correspondentes a 152,33% para QRA, 158,83% para DCO, 61,27% para CIC e 57,26% para NGF, em relação as respostas de seleção estimadas a partir da seleção direta em QRA, DCO, CIC e NGF, respectivamente. As estimativas das respostas indiretas de seleção que excederam a magnitude dos 100% apontam para uma redução, de tal modo, que a média da população selecionada alcançou valores inferiores à média da população original, o que está de acordo com o que havia sido estimado pelo coeficiente \hat{r}_g . Estes valores podem ser vistos na Tabela 5.1, onde o percentual do quanto deixa de ser ganho a partir da resposta correlacionada, corresponde ao percentual de redução.

A magnitude de redução estimada para QRA, a partir da resposta correlacionada, foi correspondente em valor médio a -0,09 e -0,23 na escala de notas, o que equivale a -5,26% e -13,69%, para estimativas de ganhos obtidos do ΔS e ST , respectivamente. Esses valores indicam que existe uma tendência de reduzir a média deste caráter quando a seleção é feita em PROD.

A magnitude da redução estimada para DCO, a partir do ΔS e ST , tem assumido valores discrepantes. Esta diferença, possivelmente, está associada à influência de fatores ambientais que acabaram interferindo no valor estimado a partir do ΔS . De acordo com Cruz & Regazzi (2001), isso também acontece quando as correlações entre variáveis da amostra selecionada não correspondem às correlações estabelecidas entre as mesmas variáveis da população original. O valor estimado a partir da ST , que é desprovido de influências de ambiente, e que correspondeu a uma redução de 158,83%, foi consistente com o valor estimado pelo coeficiente \hat{r}_g , para PROD x DCO. Os valores absolutos estimados, a partir do ΔS e ST , foram de 0,01 cm e -0,02 cm, o qual correspondeu a valores percentuais de 0,42% e -1,66%, respectivamente. Este último valor indica que a seleção para aumentar PROD pode resultar numa redução desfavorável da média do caráter DCO.

O valor do ganho indireto de seleção estimado para CIC, a partir da seleção de PROD, indicou que foi possível reduzir a média da mesma em 0,62 e 1,10 dias ou em -0,85% e -1,53%, a partir do ganho estimado com base no ΔS e ST , respectivamente. O efeito favorável para a redução da média do CIC, a partir da resposta indireta, foi concordante com o coeficiente \hat{r}_g , estimado para o par de variáveis PROD x CIC. De forma similar ao resultado deste estudo, Silva (2002) obteve um coeficiente \hat{r}_g de -0,60 para a mesma combinação de caracteres, a partir de uma população de milho F_{2:3} retrocruzada com os parentais. No entanto, Santos et al. (2002), a partir de um trabalho com 23 cultivares híbridas de milho de diferentes ciclos de seleção, não detectaram valores de \hat{r}_g significativos, estimados a partir das variáveis PROD x CIC.

A partir da resposta indireta, foi estimado um incremento médio de 0,99 e 0,78 grãos fileira⁻¹ para NGF, quando a seleção foi realizada sobre PROD. Este valor foi correspondente a um aumento médio de 2,95% e 2,31%, valores que foram estimados a partir do ΔS e ST , respectivamente. Este resultado foi concordante com o coeficiente \hat{r}_g , obtido a partir do par PROD x NGF. De forma similar, Balbinot Jr et al. (2004) concluíram que a correlação mais importante para PROD foi estabelecida a partir do NGF. Resultados similares a estes também foram observados por Bolanões & Edmeades (1996) e Ottaviano & Camussi (1981).

A combinação da variável PROD com as variáveis ALC, APL, NFG e CES, apenas apresentaram coeficientes β significativos ($\alpha \leq 0,05$) e, os pares de variáveis PROD x RSP e PROD x PEC não apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) nem para o coeficiente β . Pelo fato dessas correlações não serem de significativa magnitude para a seleção, então não serão comentadas, ainda que seus valores estejam apresentados na Tabela 5.1.

De forma similar ao resultado deste estudo, Aguiar (2003) e Bolaños & Edmeades (1996) não obtiveram significância para os coeficientes \hat{r}_g , estimados a partir dos pares PROD x RSP e PROD x ALC, respectivamente. No entanto,

Geraldi (1977) obteve significância para o coeficiente \hat{r}_g , estimado entre PROD x RSP (-0,65).

Resultados equivalentes ao do presente trabalho foram obtidos por Queiroz (1969) e Silva et al. (2001). Estes autores não obtiveram significância para o coeficiente \hat{r}_g , estimado entre PROD x APL de uma população composta de milho. No entanto, Silva (2002), Lemos et al. (2002), Santos et al. (2002) e Santos et al. (2005) estimaram coeficientes \hat{r}_g significativos e positivos de várias grandezas, a partir da combinação PROD x APL. De forma similar ao resultado deste estudo, Aguiar (2003) não obteve significância para o coeficiente \hat{r}_g , estimado para PROD x NFG. Diferente do resultado deste estudo, Aguiar (2003) e Arias et al. (1999), estimaram coeficientes \hat{r}_g significativos e positivos (0,39 e 0,35), a partir do par PROD x CES, respectivamente.

5.3.1.1.1. Correlações Genéticas entre Variáveis e Tendências de Ganhos Indiretos de Seleção em L1

Foram observados coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) significativos ($\alpha \leq 0,05$) entre APL com CIC (0,75), QRA (0,73), CES (0,69), DCO (0,34) e PEC (-0,43). Estes valores sugeriram que FMI de médias elevadas para a estatura, também apresentaram médias elevadas para CIC, QRA, CES e DCO. A correlação de ordem negativa para o par APL x PEC indicou que diante da redução da estatura média das plantas, incrementos na média de PEC podem ser obtidos desejavelmente.

Selecionando favoravelmente para reduzir APL, reduções nas médias de CIC, QRA, CES e DCO podem ser obtidas a partir da resposta correlacionada. Dentre estas, é desejável apenas reduzir a média do CIC e para as demais variáveis (QRA, CES e DCO) é desejável que ocorram incrementos. Contudo, Santos et al. (2002) não encontraram significância para o coeficiente \hat{r}_g , estimado a partir da combinação entre APL x CIC. Os ganhos indiretos de seleção

estimados a partir da combinação entre todas estas variáveis podem ser encontrados na Tabela 5.1.

Os coeficientes \hat{r}_g , estimados a partir de APL com ALC, RSP, NFG e NGF não foram significativos para $\alpha \leq 0,05$. Mesmo não havendo interesse por estas combinações de variáveis, as magnitudes dos coeficientes destas correlações e as respectivas respostas indiretas de seleção podem ser encontradas na Tabela 7 e Tabela 5.1, respectivamente. De forma similar a este estudo, Santos et al. (2002) não encontraram significância para o coeficiente de correlação estimado entre APL x RSP. Porém, Farias Neto & Miranda Filho (2001) obtiveram significância para o coeficiente (0,40) estimado entre estas mesmas variáveis (APL x RSP), a partir de famílias de irmãos-germanos e de autofecundação (S_1).

Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre ALC x QRA (-0,37), ALC x RSP (-0,30) e ALC x NGF (0,28) foram significativos ($\alpha \leq 0,05$). O sentido destes coeficientes \hat{r}_g indicou que diante de seleção favorável para a redução da média de ALC, podem ser obtidos aumentos das médias de QRA (desejável) e RSP (indesejável) e, simultaneamente, a redução da média de NGF (indesejável).

Em termos fisiológicos, já foi relatado que é vantajosa à redução da média de ALC (Magalhães & Silva, 1987). Plantas portadoras de folhas mais eretas aproveitam melhor a energia radiante a qual é convertida em fotossimilados e transportada para os grãos. Além disso, menores ângulos foliares favorecem o cultivo da cultura em maiores densidades de cultivo, o que também pode contribuir para o aumento da produtividade, caso não haja limitações nutricionais e de disponibilidade de água no solo. Em sistemas de produção que carecem desses fatores, o aumento da densidade populacional pode ser desvantajoso, ao invés de resultar em incrementos de produtividade.

No entanto, os dados do presente estudo indicaram que devido ao coeficiente \hat{r}_g estimado entre ALC x RSP ser negativo, não é possível simultaneamente reduzir a média de ambas as variáveis, como seria desejável, a partir de algum deles.

O coeficiente \hat{r}_g de ordem positiva, estimado entre ALC e NGF, também foi desfavorável para que seja obtida simultaneamente uma redução na média da variável ALC e um aumento em NGF. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir da combinação de ALC com DCO, NFG, CES, PEC e CIC, não foram significativos para $\alpha \leq 0,05$.

Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre QRA e as variáveis CIC (0,70), NFG (-0,54) e CES (0,53) foram todos significativos para $\alpha \leq 0,05$. Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre QRA x CIC e QRA x NFG não são favoráveis para que, simultaneamente, a partir do aumento médio da variável QRA, seja reduzida a média do CIC e aumentada a média de NFG, como seria desejável. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir da combinação de QRA com RSP, DCO, NGF e PEC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

A variável RSP apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com DCO (0,44) e CES (0,28). Os coeficientes \hat{r}_g positivos destas variáveis indicaram que a seleção direta para reduzir a média da variável RSP pode indiretamente proporcionar reduções indesejáveis para as variáveis DCO e CES. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir de RSP com NFG, NGF, PEC e CIC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$. De forma adversa ao resultado deste estudo, Aguiar (2002) obteve um coeficiente \hat{r}_g positivo (0,32) para o par RSP x NFG.

Foram estimados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) a partir da combinação de DCO com CIC (0,54), CES (0,34) e PEC (-0,37). Os coeficientes \hat{r}_g para os pares DCO x CIC e DCO x PEC indicam que diante da seleção direta para o aumento da média de DCO, indiretamente tende a ocorrer desfavoravelmente um aumento na média de CIC e uma redução na média de PEC. Reduzir a média da PEC significa que, no momento da colheita, as espigas podem estar relativamente em posição mais ereta, o que é indesejável, pois nessa posição as espigas ficam mais propensas a infiltrações da água da chuva. Os

coeficientes \hat{r}_g estimados entre os pares DCO x NFG e DCO x NGF não apresentaram significância ao considerar $\alpha \leq 0,05$.

Foram observados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) e negativos a partir das combinações NFG x NGF (-0,29) e NFG x CES (-0,46). Os coeficientes \hat{r}_g indicaram que o aumento médio de NFG esteve associado com a redução média das variáveis NGF e CES. Aumentar a média de NFG em detrimento de NGF e CES é indesejável, principalmente, porque NGF estabelece uma forte \hat{r}_g positiva com PROD. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir dos pares NFG x PEC e NFG x CIC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

A combinação da variável NGF com CES (0,49) e PEC (0,31) proporcionou a estimativa de coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$). Neste caso, os coeficientes \hat{r}_g positivos são favoráveis ao aumento simultâneo das médias destas variáveis, a partir da seleção direta sobre NGF. De forma similar a este estudo, Aguiar (2003) estimou um coeficiente \hat{r}_g (0,61) significativo para NGF x CES. O coeficiente \hat{r}_g estimado entre NGF x CIC não foi significativo quando $\alpha \leq 0,05$.

O CIC apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com CES (0,60) e PEC (-0,35). O coeficiente \hat{r}_g positivo para o par CIC x CES indica que as FMI de ciclo mais longo tendem a apresentar espigas de maior comprimento e posições de espiga indesejavelmente mais eretas no momento da colheita. De outra forma, pode ser dito que diante da seleção desejável para reduzir CIC tendem a ocorrer respostas indiretas contra o aumento da variável CES e a favor do aumento de PEC. O coeficiente \hat{r}_g do par CES x CIC não foi significativo quando considerado $\alpha \leq 0,05$.

5.3.1.2. Ganho Indireto a partir da Seleção Direta para PROD em L2

Dos 55 pares formados a partir das 11 variáveis, 16 apresentaram coeficientes de correlação ambiental (\hat{r}_a) significativos ($\alpha \leq 0,05$). A amplitude dos

coeficientes variou de -0,50 (CIC x PROD) a 0,76 (NGF x CES). Além da combinação entre as variáveis NGF x CES, apenas as combinações entre PROD com APL, NGF e CES, apresentaram coeficientes superiores a 0,50. Coeficientes \hat{r}_a de elevada magnitude entre PROD e as variáveis associadas aos componentes de rendimento também foram observados por Arias et al. (1999) e Lemos et al. (1992).

Dentre os pares de variáveis que apresentaram coeficientes \hat{r}_a significativos ($\alpha \leq 0,05$), apenas as combinações entre PROD com as variáveis CIC e DCO apresentaram significância unicamente para \hat{r}_a . Isto indica que a correlação observada para os pares (PROD x CIC) e (PROD x DCO) pode ter sido de ordem ambiental.

O coeficiente de correlação fenotípica (\hat{r}_f) apresentou uma amplitude de -0,31 (ALC x QRA) a 0,76 (NGF x CES). Os coeficientes de maior magnitude envolveram CIC, DCO e CES (Tabela 8). Dentre as combinações de variáveis que apresentaram coeficientes \hat{r}_f significativos ($\alpha \leq 0,05$), unicamente o coeficiente obtido da combinação entre PROD x CES não apresentou significância ao coeficiente de correlação genética (\hat{r}_g) para $\alpha \leq 0,05$.

Os coeficientes \hat{r}_g apresentaram uma amplitude que variou de -0,67 (QRA x PROD) a 1,00 (CIC x QRA). Dentre os coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$), a grande maioria foi de ordem positiva. Foram observados vários coeficientes de magnitude superior a 0,50. Destes, os de ordem positiva foram procedentes de combinações que envolveram CIC, CES, DCO e NGF. Os coeficientes de ordem negativa superior a 0,50, restringiram-se às combinações da variável QRA com ALC e PROD (Tabela 7).

O número de coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) superou o número de coeficientes \hat{r}_f significativos ($\alpha \leq 0,05$). Isto foi um indicativo de que os efeitos de ambiente foram pouco expressivos, em relação aos efeitos genéticos que apresentaram a significância entre as variáveis.

Dentre as combinações de caracteres realizadas a partir da variável PROD, apenas as estabelecidas com as variáveis RSP, DCO e CIC não apresentaram significância para o coeficiente \hat{r}_g para $\alpha \leq 0,05$. Porém, os coeficientes destas combinações apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) para o coeficiente angular (β), os quais não serão abordados nessa discussão e, o coeficiente estimado entre PROD x DCO também apresentou \hat{r}_a significativo ($\alpha \leq 0,05$).

Foram estimados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) a partir da combinação da variável PROD com as variáveis NGF (0,57), ALC (0,42), NFG (0,34), APL (0,28), CES (0,09), PEC (-0,28) e QRA (-0,67). Constatou-se que o \hat{r}_g de maior magnitude positiva foi estimado entre as variáveis NGF x PROD. Este resultado está de acordo com os valores obtidos por Balbinot et al. (2004), Bolanós & Edmeades (1996) e Ottaviano & Camussi (1981). Por outro lado, o coeficiente \hat{r}_g de maior magnitude negativa foi estimado entre as variáveis QRA x PROD. Tal comportamento é um indicativo de que a partir da seleção direta sobre uma destas variáveis, indiretamente reduções na média da outra variável podem acontecer, ou seja, tem-se uma forte restrição para elevar a média dos dois caracteres, simultaneamente, a partir da resposta correlacionada.

Estudos realizados por Aguiar (2003) e Arias et al. (1999) revelaram a existência de correlação entre PROD x CES da ordem de 0,39 e 0,35, respectivamente. Estes valores foram ligeiramente superiores ao valor estimado para a mesma combinação das variáveis desse estudo.

De forma similar aos resultados estimados nesse trabalho, Silva (2002), Lemos et al. (2002), Santos et al. (2002) e Santos et al. (2005), estimaram coeficientes \hat{r}_g a partir das variáveis PROD x APL da ordem de 0,47, 0,62, 0,51 e 0,44, respectivamente. Contudo, Queiroz (1969) e Silva et al. (2001) não obtiveram significância para o coeficiente \hat{r}_g estimado entre as variáveis PROD x APL, obtidas a partir de populações compostas. Em oposição ao resultado deste estudo, Aguiar (2003) não detectou significância para o coeficiente \hat{r}_g estimado entre PROD x NFG.

Os efeitos dos coeficientes \hat{r}_g foram confirmados a partir das estimativas dos ganhos de seleção obtidos para PROD e da resposta indireta para NGF, ALC, NFG, APL, CES, PEC e QRA mediante a seleção da PROD. Desta forma, ao efetuar seleção direta para PROD foram estimadas reduções de ganhos de seleção de 33,32% (NGF), 112,18% (ALC), 73,53% (NFG), 147,68% (APL), 48,51% (CES), 110,85% (PEC) e 113,06% (QRA), em relação aos ganhos de seleção estimados para as mesmas variáveis, caso fossem efetuadas seleções diretas. Deve ser destacado que tais estimativas foram efetuadas a partir do ΔS , a uma intensidade de seleção de 25%.

A partir da ST , foram estimadas reduções de ganhos correspondentes a 56,09% (NGF), 132,14% (ALC), 75,15% (NFG), 119,82% (APL), 93,68% (CES), 100,57% (PEC) e 158,77% (QRA), lembrando que magnitudes superiores a 100% indicam que houve uma inversão no sentido da resposta desejável, em relação aos ganhos de seleção estimados para as mesmas variáveis, caso fossem efetuadas seleções diretamente sobre NGF, ALC, NFG, APL, CES, PEC e QRA, respectivamente.

A partir da estimativa de seleção direta sobre a variável PROD, foi estimado um ganho de seleção indireto para a variável NGF, em valor absoluto de 1,34 e 0,91 grãos fileira⁻¹, a partir do ΔS e ST , respectivamente. Estas magnitudes foram correspondentes a um aumento médio de 3,89% e 2,64%, nesta mesma ordem. A estimativa de ganhos favoráveis ao aumento da média da variável NGF a partir da seleção indireta está de acordo com o valor do coeficiente \hat{r}_g estimado entre as variáveis PROD x NGF.

A seleção direta sobre a variável PROD resultou indiretamente em uma redução média para QRA em valor absoluto correspondente a -0,03 (ΔS) e -0,11 (ST) na escala de notas. Estas magnitudes corresponderam a uma redução de 2,18% e 8,26%, estimadas a partir do ΔS e ST , respectivamente. Os valores indesejáveis estimados para QRA, a partir da resposta indireta de seleção, refletiram a expressão do coeficiente \hat{r}_g negativo estimado entre PROD x QRA.

O coeficiente \hat{r}_g positivo estimado entre as variáveis PROD x ALC indicou que o aumento médio de PROD pode elevar indesejavelmente a média da variável ALC. Esta suposição foi confirmada a partir da estimativa da resposta indireta a seleção para ALC, a partir da seleção direta em PROD. Foi estimado um aumento médio indesejável da variável ALC em magnitude equivalente a 0,21 e 0,57 graus, a partir do ΔS e ST , respectivamente. Em valores percentuais estes valores corresponderam a um aumento médio de 0,60% e 1,66%, nesta mesma ordem. Com base em ΔS e ST o aumento médio de ALC resulta em uma abertura maior do ângulo entre a lâmina foliar e o caule. Segundo Magalhães & Silva (1987), este comportamento é um fator limitante para o acúmulo de produtos fotossintéticos para a produção de grãos e, além disso, é determinante para definir a densidade de cultivo.

O coeficiente \hat{r}_g negativo entre as variáveis PROD x PEC, sugeriu que diante do aumento da média de PROD, indiretamente a média de PEC pode ser reduzida. De fato, a partir da seleção direta em PROD, foram estimadas reduções médias indiretamente para PEC de -0,03 e -0,07 na escala de notas, a partir do ΔS e ST , respectivamente. Estas magnitudes foram correspondentes a uma redução de 1,36% e 2,94%, nesta mesma ordem. Reduzir a média da variável PEC pode representar uma redução de qualidade dos grãos, uma vez que as espigas tendem a ficar em posição ereta após a maturação, ficando mais propensas a infiltrações de água das chuvas.

O estabelecimento de coeficientes \hat{r}_g de ordem positiva entre as variáveis NFG e CES com PROD é uma indicação de que mediante o aumento médio de PROD aumentos médios das variáveis NFG e CES podem ser obtidos, a partir de ganho indireto de seleção. Os ganhos indiretos de seleção estimados a partir do ΔS para as variáveis NFG e CES foram correspondentes a um aumento médio de 0,12 no número de fileiras de grãos espiga⁻¹ e 0,55 cm, respectivamente. Estas magnitudes corresponderam a um aumento médio de 0,91% e 3,73%, nesta mesma ordem. Os ganhos indiretos de seleção estimados a partir da ST para estas mesmas variáveis foram correspondentes a um aumento de 0,12 do número

de fileiras de grãos espiga⁻¹ (NFG) e 0,07 cm em CES, o que correspondeu a um aumento médio de 0,94% e 0,48%, nesta mesma ordem. As magnitudes dos ganhos de seleção estimados para as variáveis NFG e CES são similares aos coeficientes \hat{r}_g estimados entre estas variáveis e a PROD. Em decorrência dos coeficientes \hat{r}_g não terem apresentado magnitudes elevadas, os ganhos indiretos também não foram elevados.

Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir da combinação de PROD com RSP, DCO e CIC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$. De forma similar ao resultado obtido neste estudo, Santos et al. (2002) não detectaram significância para o coeficiente estimado entre as variáveis PROD x CIC. Porém, Silva (2002) estimou um coeficiente significativo de -0,60 para esta mesma combinação de variáveis. Da mesma forma, Aguiar (2003) não encontrou significância para o coeficiente estimado entre as variáveis PROD x RSP, o que está de acordo com o resultado deste estudo. Geraldi (1977) obteve um coeficiente significativo de -0,65 para esta mesma combinação de variáveis.

O fato do coeficiente \hat{r}_g ter sido positivo entre as variáveis PROD x APL é uma indicação de que as FMI mais produtivas tendem a corresponder às plantas de estatura média mais elevada. Neste sentido, a partir da resposta correlacionada, existem limitações em promover simultaneamente a redução da média de APL, quando há um interesse pelo aumento da média da PROD.

Estes valores também podem ser confirmados pelas respostas indiretas a seleção apresentada em APL, quando é efetuada seleção direta em favor do aumento da PROD. Tais valores obtidos a partir das estimativas efetuadas com base em ΔS e ΔT indicam um incremento médio desfavorável de 5,89 e 2,57 cm na estatura das plantas respectivamente, quando 25% das FMI mais produtivas são selecionadas. Estes valores foram correspondentes a 2,61% e 1,14%, nesta mesma ordem.

As combinações entre PROD e as variáveis RSP, DCO e CIC, que apenas apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) para o coeficiente angular (β), não serão

discutidas por não haver interesse nestas correlações, no entanto, os valores desses coeficientes podem ser encontrados na Tabela 5.2.

5.3.1.2.1. Correlações Genéticas entre Variáveis e Tendências de Ganhos Indiretos de Seleção em L2

A variável APL apresentou coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) significativos ($\alpha \leq 0,05$) e positivos com CIC (0,88), CES (0,69), DCO (0,56), NGF (0,50), QRA (0,37) e RSP (0,28). Os sentidos destas correlações indicaram que FMI com médias elevadas para a variável APL, simultaneamente, também tendem a apresentar médias elevadas para CIC, CES, DCO, NGF, QRA e RSP. De forma similar a este estudo, Farias Neto & Miranda Filho (2001) estimaram a partir do par APL x RSP um coeficiente \hat{r}_g de 0,40. Porém, Santos et al. (2002) não encontraram significância para o coeficiente \hat{r}_g estimado a partir destas mesmas variáveis.

O coeficiente \hat{r}_g positivo estimado entre a variável APL com CIC e RSP foi um indicativo de que mediante seleção direta para a redução de APL, indireta e simultaneamente reduções médias favoráveis para CIC e RSP podem ocorrer. Porém, os positivos coeficientes \hat{r}_g estimados entre a variável APL com as variáveis CES, DCO, NGF e QRA impõem restrições ao aumento desejável da média destas variáveis a partir da seleção para a redução da APL. Não foi constatada significância ($\alpha \leq 0,05$) para os coeficientes \hat{r}_g estimados entre APL com as variáveis ALC, NFG e PEC.

A partir da combinação entre ALC x QRA (-0,64) e ALC x CIC (-0,28) foram estimados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$). O coeficiente de ordem negativa entre ALC x QRA indicou que mediante a redução da média de ALC, indiretamente QRA pode ser aumentada. Porém, o coeficiente negativo estimado a partir de ALC x CIC impõe restrições para que, simultaneamente, sejam reduzidas desejavelmente as médias de ALC e CIC. Os coeficientes \hat{r}_g estimados

entre a variável ALC com RSP, DCO, NFG, NGF, CES e PEC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

Foram observados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) a partir da correlação entre a variável QRA com CIC (1,00), CES (0,59), DCO (0,47) e RSP (0,37). Dentre estas, destaca-se a correlação de elevada magnitude entre QRA x CIC, indicando que as FMI de elevada média para QRA também apresentaram elevada média para CIC. Devido a forte correlação entre estas duas variáveis, torna-se limitante o aumento da média da variável QRA sem causar efeitos de incremento indesejáveis à CIC. O coeficiente \hat{r}_g positivo entre QRA x RSP também impõe limitações à resposta favorável para estas duas variáveis.

A correlação positiva entre QRA com as variáveis CES e DCO foi favorável para que as médias de ambas as variáveis sejam aumentadas a partir da seleção para o aumento da média de alguma delas. Segundo Magalhães & Silva (1987), as variáveis QRA e DCO exercem importante função estrutural para as plantas e, por esta razão, a média destas deverá ser aumentada. Adicionalmente, os coeficientes \hat{r}_g estimados entre as variáveis QRA x NFG e QRA x NGF não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre a variável RSP com DCO (0,62), CES (0,48), CIC (0,32) e NGF (0,26) foram significativos ($\alpha \leq 0,05$). Os coeficientes \hat{r}_g positivos indicaram que a seleção de FMI com valores menores de RSP, simultaneamente, apresentam valores médios menores para DCO, CES, CIC e NGF. É desejável reduzir a média da variável RSP (Magalhães & Silva, 1987). Além disso, a seleção favorável para a redução da média de RSP, indiretamente também causa a redução desejável do CIC. No entanto, as médias das variáveis DCO, CES e NGF também são indesejavelmente reduzidas. O coeficiente \hat{r}_g estimado a partir do par RSP x PEC não foi significativo quando $\alpha \leq 0,05$.

Foram observados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) e positivos entre DCO e as variáveis CES (0,70), NGF (0,62) e CIC (0,55). As correlações positivas entre estes pares de variáveis são favoráveis ao aumento simultâneo das suas

respectivas médias. No entanto, dentre estas correlações, a estabelecida entre DCO x CIC é indesejável para que sejam obtidas simultaneamente reduções na média do CIC e aumentos na média de DCO. Os coeficientes entre as variáveis DCO x NFG e DCO x PEC não foram significativos quando $\alpha \leq 0,05$.

Foram observados coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) entre NGF x CES (0,76), NGF x CIC (0,52), CIC x CES (0,79), CIC x NFG (-0,34). O coeficiente \hat{r}_g positivo entre NGF x CES é favorável para aumentar a média das duas variáveis simultaneamente, a partir da resposta correlacionada, à seleção efetuada para aumentar a média de algum deles. Valores similares aos estimados neste estudo foram obtidos por Aguiar (2003), o qual estimou um coeficiente \hat{r}_g de 0,61 para a combinação NGF x CES. Ottaviano & Camussi (1981), para a mesma combinação de variáveis, estimaram um coeficiente de correlação negativo de -0,41.

Mesmo que a magnitude do coeficiente \hat{r}_g entre CIC x NFG tenha sido baixa, mas o fato deste ser negativo favorece a redução da média do CIC, em detrimento do aumento da média de NFG. No entanto, as correlações de elevadas magnitudes e positivas estabelecidas entre CIC x NGF e CIC x CES impõem restrições quanto ao aumento da média de NGF e CES, simultaneamente, a partir da redução da média do CIC. Estas correlações estão indicando que a redução da média de CIC via seleção, também acarreta incrementos para as médias de NGF e CES. Considerando $\alpha \leq 0,05$, os coeficientes \hat{r}_g entre os pares NGF x NFG, NFG x CES e entre a variável PEC e as variáveis NFG, CES e CIC não apresentaram significância.

5.3.1.3. Ganho Indireto a partir da Seleção Direta para PROD em L3

Dentre as 55 combinações entre pares de variáveis, 15 apresentaram coeficientes de correlação ambiental (\hat{r}_a) significativos ($\alpha \leq 0,05$). A amplitude de variação dos coeficientes \hat{r}_a foi de -0,61 (CIC x PROD) a 0,79 (NGF x CES). Dentre estes, foram observados coeficientes de elevada magnitude para a combinação NGF x CES (0,79), bem como para a variável PROD combinada com

as variáveis APL (0,60), RSP (0,58) e CIC (-0,61) e entre a variável RSP com as variáveis APL (0,60) e CIC (0,57). Coeficientes \hat{r}_a de elevada magnitude, envolvendo PROD com outros componentes de rendimento também foram observados por Arias et al. (1999) e Lemos et al. (1992).

Dentre as diferentes correlações estimadas, os pares APL x NFG (0,26) e QRA x RSP (0,27) apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) apenas para o coeficiente \hat{r}_a . As combinações entre PROD x APL, PROD x CIC e PROD x RSP apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) apenas para os coeficientes de correlação fenotípica (\hat{r}_f) e correlação ambiental (\hat{r}_a), inclusive, alcançando valores relativamente elevados para os coeficientes \hat{r}_a (Tabela 7).

A amplitude de variação do coeficiente \hat{r}_f foi de -0,37 (CIC x PROD) a 0,77 (NGF x CES). De uma forma geral, os coeficientes \hat{r}_f significativos ($\alpha \leq 0,05$), apresentaram magnitudes relativamente baixas. Os maiores coeficientes \hat{r}_f foram estimados a partir da combinação da variável NGF com CES (0,77), PROD (0,57) e DCO (0,56), entre a variável DCO com CES (0,61) e RSP (0,54) e entre o par DCO x NGF (0,56). Não foi observada nenhuma situação em que apenas o \hat{r}_f tenha sido significativo.

Os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) significativos ($\alpha \leq 0,05$) apresentaram uma amplitude de variação de -0,27 (PEC x PROD) a 0,92 (APL x CIC). Neste intervalo, a grande maioria dos coeficientes tem apresentado valores acima de 0,50. O único coeficiente negativo foi estimado para o par PEC x PROD. Os coeficientes \hat{r}_g e β apresentaram significância ($\alpha \leq 0,05$) para as mesmas combinações entre variáveis.

Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir de PROD com NGF (0,70), DCO (0,61), CES (0,53) e ALC (0,35), foram significativos ($\alpha \leq 0,05$). Os elevados coeficientes positivos, estimados entre PROD com as variáveis NGF, DCO, CES, indicaram que de forma indireta foi possível estimar aumentos médios simultâneos para estas mesmas variáveis, a partir da seleção de PROD. Resultados similares

aos estimados neste estudo para a combinação PROD x NGF, foram obtidos por Bolanões & Edmeades (1996) e Balbinot et al. (2004). Para a combinação entre PROD x CES, valores similares foram obtidos por Aguiar (2003) e Arias et al. (1999).

O coeficiente \hat{r}_g positivo entre PROD x ALC indicou que, a partir do aumento médio de PROD, aumentos médios para a variável ALC podem ser obtidos. O efeito detectado a partir dos valores de \hat{r}_g , estimados a partir da combinação de PROD com NGF, DCO, CES e ALC, foi confirmado pelas estimativas do ganho de seleção sobre a variável PROD e da resposta indireta para estas variáveis. Desta forma, ao efetuar seleção para PROD, com base no ΔS , foram estimadas respostas negativas da ordem de 40,95% para NGF, 76,86% para DCO, 44,80% para CES e 121,44% para ALC, em relação aos ganhos de seleção estimados para as mesmas variáveis a partir da seleção direta. Os ganhos indiretos de seleção, em valores absolutos, foram correspondentes a 0,71 grãos fileira⁻¹ (NGF), 0,02 cm (DCO), 0,45 cm (CES) e 0,25 graus (ALC). Estes valores foram correspondentes a aumentos médios de 1,90%, 1,33%, 2,91% e 0,76%, nesta ordem, para as mesmas variáveis.

A partir da ST , foram estimadas respostas indesejáveis na ordem de 38,71% para NGF, 58,33% para DCO, 61,63% para CES e 127,76% para ALC. A magnitude de redução superior a 100%, estimada para a combinação das variáveis PROD x ALC, indicou que a seleção sobre PROD, além de não resultar em reduções desejáveis na média de ALC, também contribui para o seu aumento. Em valores absolutos, ao efetuar seleção em PROD, os ganhos indiretos de seleção foram correspondentes a 0,73 grãos fileira⁻¹ (NGF), 0,04 cm (DCO), 0,31 cm (CES) e 0,36 graus (ALC). Estes valores foram correspondentes a aumentos médios de 1,97%, 2,38%, 1,98% e 1,07%, nesta mesma ordem. Os aumentos médios indiretos estimados por ΔS e ST para NGF, DCO, CES e ALC, a partir da seleção direta em PROD, confirmam os coeficientes \hat{r}_g positivos estimados entre estas variáveis. Resultados similares para a combinação entre PROD x NGF foram obtidos por Ottaviano & Camussi (1981).

Não foram observados coeficientes \hat{r}_g significativos para $\alpha \leq 0,05$, entre a PROD e as variáveis QRA, RSP, APL, NFG, CIC e PEC. Resultados concordantes aos estimados neste estudo foram obtidos por Aguiar (2003). Este autor não obteve significância para os coeficientes \hat{r}_g , estimados a partir da combinação entre PROD e as variáveis RSP e NFG. Da mesma forma, Santos et al. (2002) não encontraram significância para este coeficiente estimado entre PROD x CIC. Adicionalmente, Queiroz (1969) e Silva et al. (2001) não encontraram significância para \hat{r}_g em relação ao par PROD x APL, estimado a partir de populações compostas de milho.

No entanto, em outros estudos, foram encontrados valores significativos para os coeficientes \hat{r}_g , envolvendo as mesmas combinações entre características. Dentre estes, Silva (2002) estimou um coeficiente de ordem negativa (-0,60) para a combinação entre PROD x CIC. Geraldi (1977) obteve um coeficiente da ordem de -0,65, a partir do par PROD x RSP. Silva (2002), Lemos et al. (2002), Santos et al. (2002) e Santos et al. (2005) estimaram coeficientes \hat{r}_g significativos e positivos, a partir da combinação PROD x APL.

5.3.1.3.1. Correlações Genéticas entre Variáveis e Tendências de Ganhos Indiretos de Seleção em L3

Os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g), estimados a partir da correlação entre APL e as variáveis CIC (0,92), CES (0,73), NGF (0,64), QRA (0,54), DCO (0,48) e RSP (0,26) foram significativos ($\alpha \leq 0,05$) (Tabela 7). Estas correlações positivas indicaram que FMI, portadoras de elevada estatura média tendem apresentar elevadas médias para CIC, CES, NGF, QRA e DCO. A partir destas correlações, foi possível inferir que a redução média de APL também acarreta indiretamente reduções nas médias do CIC, CES, NGF, QRA, DCO e RSP. Dentre estas, é desejável reduzir apenas a média de CIC e RSP.

De forma similar ao valor do coeficiente \hat{r}_g estimado neste estudo, Farias Neto & Miranda Filho (2001) obtiveram um valor de 0,40 para a combinação

destas mesmas variáveis. Por outro lado, Santos et al. (2002) não encontraram valores significativos para o coeficiente de correlação estimado para os mesmos pares de variáveis.

Diante destas correlações, foram observadas restrições para a redução da média de APL, principalmente, em decorrência da elevada correlação que esta apresentou com NGF. Esta última, por sua vez, também apresentou uma forte correlação positiva com PROD. Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre APL e as variáveis ALC, NFG e PEC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

Em relação à QRA, foi constatado que esta apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com CIC, CES e NGF. As magnitudes destes foram correspondentes a 0,82, 0,53 e 0,36, respectivamente. Estes coeficientes indicam que as FMI que apresentam elevada média para QRA tendem apresentar médias elevadas para CIC, CES e NGF. A partir da seleção favorável para o aumento médio da variável QRA, as médias do CIC, CES e NGF também podem ser elevadas indiretamente. Dentre estas, é indesejável aumentar a média do CIC. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir da combinação da variável QRA com RSP, DCO, NFG e PEC, não foram significativos para $\alpha \leq 0,05$.

A variável RSP apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) e positivos com DCO, NGF, CIC, CES e NFG. As magnitudes destes coeficientes foram correspondentes a 0,69, 0,67, 0,63, 0,50 e 0,30, respectivamente. Os coeficientes positivos estimados a partir destas correlações indicam que FMI, cujos valores médios são baixos para a variável RSP, também tendem apresentar valores médios baixos para DCO, NGF, CIC, CES e NFG.

Em razão do sentido positivo dos coeficientes de correlação \hat{r}_g estimados entre RSP com as variáveis DCO, NGF, CIC, CES e NFG, as respostas nestes em função da redução desejável de RSP também podem ser reduzidas. Dentre estas variáveis, é desejável reduzir apenas a média do CIC e manter ou aumentar a média das demais variáveis. Em razão dos coeficientes \hat{r}_g positivos entre RSP e

as variáveis DCO, NGF, CES e NFG, existem limitações em aumentar a média destas, a partir da redução da média de RSP.

Os coeficientes \hat{r}_g estimados entre PEC e as variáveis RSP, DCO, NFG, NGF, CES e CIC, bem como da variável ALC e as variáveis QRA, RESC, DCO, NFG, CES, PEC e CIC, não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

A variável DCO apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com NGF, CES, CIC e NFG. As magnitudes destes coeficientes foram correspondentes a 0,88, 0,79, 0,35 e 0,30, respectivamente. Os coeficientes de correlação positiva indicaram que as FMI portadoras de elevadas médias para DCO, também tendem a apresentar elevadas médias, principalmente, para NGF e CES. Dentre estas correlações, a estabelecida entre o par DCO x CIC é adversa aos interesses agrônomicos. Os coeficientes \hat{r}_g estimados a partir do NFG com as variáveis NGF, CES e CIC não apresentaram significância para $\alpha \leq 0,05$.

A variável NGF apresentou coeficientes \hat{r}_g significativos ($\alpha \leq 0,05$) com CES, CIC e ALC. As magnitudes destes coeficientes foram correspondentes a 0,79, 0,50 e 0,36, respectivamente. Os coeficientes destas correlações indicaram que NGF apresentou uma forte associação positiva com a variável CES, o que está de acordo com o resultado obtido por Aguiar (2003), o qual estimou um coeficiente de magnitude equivalente a 0,61 para esta mesma combinação de variáveis. Por outro lado, a associação NGF x CIC foi positiva e de magnitude intermediária, o que impõe certas restrições para que as duas variáveis sejam melhoradas de forma simultânea a partir da resposta indireta. No entanto, quando o coeficiente de correlação entre NGF x CIC é negativo, tal como foi estimado (-0,41) por Ottaviano & Camussi (1981), então é possível melhorar simultaneamente ambas as variáveis, quando apenas uma delas é selecionada.

Foi observado que o coeficiente \hat{r}_g para o par CES x CIC foi significativo ($\alpha \leq 0,05$) e da ordem de 0,55. Este coeficiente indicou que estas duas variáveis foram associadas positivamente, o que restringe à seleção simultânea para o aumento da média de CES e a diminuição da média do CIC.

5.4. Considerações Finais

As diferenças significativas entre famílias de meio-irmãos, observadas para as variáveis ALC, QRA, RSP, APL, DCO, PEC, NFG, NGF, CES e CIC ($\alpha \leq 0,01$) e PROD ($\alpha \leq 0,05$), nos três locais (L1, L2 e L3), associadas às estimativas de parâmetros estatístico-genéticos obtidas para as mesmas variáveis, indicaram que os caracteres priorizados pelos agricultores possuem elevado grau de variabilidade genética.

De modo geral, as magnitudes dos ganhos diretos de seleção, estimados a partir do diferencial de seleção (ΔS) e da seleção truncada (ST), refletiram de forma consistente os respectivos valores estimados para os parâmetros estatístico-genéticos (CV_g , h^2 e índice b) relacionados às mesmas variáveis, nos três locais.

Da mesma forma, os parâmetros estatístico-genéticos, associados à estimativa dos coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g), traduziram a magnitude e sentido de seus coeficientes de forma consistente com a magnitude dos ganhos indiretos de seleção, estimados a partir da seleção truncada (ST), considerando as combinações entre ALC, QRA, RSP, APL, DCO, PEC, NFG, NGF, CES, PROD e CIC.

No entanto, os valores dos ganhos indiretos de seleção estimados a partir do diferencial de seleção (ΔS) para alguns pares de variáveis não apresentaram consistência em relação ao coeficiente de correlação genética (\hat{r}_g) estimado para os mesmos pares de variáveis. Valores de ganhos indiretos estimados a partir do ΔS embutem erros associados às avaliações efetuadas com base no fenótipo. No entanto, deve ser destacado que as estimativas de ganhos indiretos de seleção a partir do ΔS podem ser vantajosas quando o número de tratamentos submetidos a seleção for relativamente pequeno e/ou quando as correlações entre as unidades amostradas não refletirem as correlações entre as unidades selecionadas (Cruz & Regazzi, 2001).

Diante de valores de ganhos indiretos de seleção consistentes e estimados a partir da seleção truncada (ST), algumas variáveis apresentaram coeficientes de correlação em sentido indesejável. Dentre estas, é pertinente destacar o coeficiente de correlação genética (\hat{r}_g) positivo estimado a partir das variáveis PROD x APL (0,28), no local 2. Existem vários pares de variáveis, onde este comportamento se repete. Para estes casos, existem limitações em melhorar favoravelmente ambas as variáveis, simultaneamente, em decorrência da resposta correlacionada entre variáveis ser desfavorável.

Para casos como o do presente estudo, anular o aumento médio da variável APL resultaria em limitar o aumento médio da PROD. No entanto, situações adversas deste tipo podem ser contornadas a partir do uso de índices de seleção (Vencovsky, 1987). A inclusão de tais variáveis na composição de índices de seleção podem resultar em ganhos genéticos simultâneos, caso as mesmas sejam ponderadas adequadamente. No entanto, o ganho de seleção para ambas será de magnitudes inferiores aos estimados a partir de seleção direta sobre cada variável, individualmente.

Os índices de seleção também podem ser úteis quando não existem correlações genéticas (\hat{r}_g) entre as variáveis-alvo de seleção. Como exemplo, pode-se citar os coeficientes de correlação genética (\hat{r}_g) entre as variáveis PROD x APL, nos locais 1 e 2, os quais não foram significativos. Para estas situações, a alteração da média de uma variável não afeta significativamente a média da outra. Dessa forma, não são possíveis à obtenção de ganhos simultâneos de seleção para ambas, a partir da resposta correlacionada.

A magnitude da estimativa do ganho de seleção direto ou indireto depende de vários fatores. Dentre estes, a intensidade de seleção é um dos mais importantes. O seu valor numérico é muito relativo. Por exemplo, selecionar 15% de uma população de 100 é diferente de selecionar 15% de uma população de 150. Uma forma mais consistente de comparar a intensidade de seleção é a partir do tamanho efetivo populacional (N_e), pois este representa a magnitude em

tamanho genético e leva em consideração o tipo de família que está sendo avaliada.

Para programas de melhoramento de milho de médio e longo prazo, são recomendados tamanhos efetivos populacionais (N_e) de 30 a 40 (Souza Jr, 1998). De acordo com Paterniani & Vencovsky (1978), elevados tamanhos efetivos populacionais (N_e) reduzem a estimativa da magnitude dos ganhos de seleção. Contudo, estes autores lembram que tamanhos efetivos populacionais (N_e) de maior magnitude são importantes para a preservação de características que conferem resistência (pragas, estresse hídrico, elevadas temperaturas, entre outras) e que, normalmente, não são consideradas em programas de melhoramento.

Ao estimar os ganhos de seleção da população em estudo, a partir de um tamanho efetivo populacional (N_e) de 176, espera-se que características importantes sejam preservadas, após um ciclo de seleção recorrente. Ainda que a magnitude do N_e esteja muito acima do recomendado na literatura, deve ser destacado que os ganhos de seleção obtidos neste trabalho foram similares às estimativas citadas em outros estudos, cujos N_e foram relativamente menores. Isto indica que a população composta de milho MPA1 possui elevado potencial genético a ser explorado, em processos cíclicos de seleção recorrente em longo prazo.

No entanto, trabalhos subseqüentes a este deverão ser realizados no sentido de mapear os locos de caracteres quantitativos (QTLs) associados às variáveis analisadas no presente estudo. Esta proposta possibilitará monitorar o comportamento da variabilidade genética e de outros parâmetros populacionais importantes (heterozigose, coeficiente de endogamia, número médio de alelos, dentre outros), entre populações de diferentes ciclos de seleção (ciclo 0, ciclo I e ciclo II). A partir disso, será possível a recomendação de tamanhos efetivos populacionais e índices de seleção mais apropriados aos programas de melhoramento genético de milho, desenvolvidos para os sistemas particulares de produção da agricultura familiar.

6. CONCLUSÕES

a) A precisão experimental do presente trabalho foi adequada, uma vez que os coeficientes de variação estimados para a maior parte das variáveis analisadas alcançaram magnitudes similares aos de outros experimentos conduzidos em estações experimentais. Isso é um indicativo da validade científica dos dados gerados, em trabalhos de pesquisa participativa, conduzidos em propriedades de agricultores.

b) O grau de variabilidade genética disponível na população composta foi elevado para todas as 11 variáveis que apresentaram diferenças significativas ($\alpha \leq 0,05$) entre famílias meio-irmãos. Tal fato é um indicativo favorável para o desenvolvimento de processos cíclicos de seleção recorrente a partir da população composta MPA1.

c) As magnitudes dos ganhos diretos de seleção obtidas neste estudo foram relativamente elevadas e similares aos estimados em outros estudos, ainda que sob percentagens de seleção (25%) e tamanhos efetivos populacionais relativamente maiores (176).

d) A correlação genética estabelecida entre algumas variáveis, não permite que estas sejam melhoradas simultaneamente, em decorrência da resposta indireta associada às correlações indesejáveis estabelecidas entre alguns pares de variáveis. Neste sentido, é pertinente o estabelecimento de índices de seleção que contemplem os efeitos da seleção sobre as variáveis de maior interesse dos agricultores.

e) A participação dos agricultores nas atividades do presente estudo, contribuiu para orientar as diferentes etapas do processo de seleção, integrando ações próprias do conhecimento científico ao conhecimento local. Considera-se, portanto, que ambas as ferramentas foram importantes para o desenvolvimento da presente pesquisa, uma vez que busca atender às necessidades dos agricultores familiares de Anchieta.

TABELAS

Tabela 1 – Relação das Abreviaturas das Variáveis e suas Respectivas Denominações.

Abreviatura	Variável
QRA	Quantidade média de raízes adventícias
APL	Altura média de plantas
AES	Altura média de espigas
DCO	Diâmetro médio de colmo
ALC	Ângulo médio entre a nervura central da lâmina foliar e o caule
FES	Forma média de espiga
RSP	Número médio de ramificações secundárias
PEC	Posição média da espiga na colheita
PROL	Prolificidade
GEMP	Grau médio de empalhamento
EMP	Empalhamento médio
DFG	Direção média das fileiras de grãos na espiga
NFG	Número médio de fileiras de grãos por espiga
NGF	Número médio de grãos por fileira
CES	Comprimento médio de espiga
DES	Diâmetro médio de espiga
CIC	Número de dias da emergência até o florescimento masculino
PROD	Produtividade
PMG	Peso de 1000 grãos
TDG	Tipo de grão
CPA	Cor da palha de espiga
DSA	Diâmetro médio de sabugo
PSA	Peso médio de sabugo
NPA	Número de plantas tombadas
NPQ	Número de plantas quebradas
RDO	Resistência a doenças
RSE	Resistência à seca
RGO	Resistência ao gorgulho
NPC	Número de plantas colhidas
NEC	Número de espigas colhidas

Tabela 2 - Ordenamento de Características Avaliadas nos Experimentos de Famílias de Meio-Irmãos no Composto de Milho MPA1, Segundo a Percepção dos Agricultores de Cinco Municípios do Extremo Oeste Catarinense. Florianópolis – SC, CCA/UFSC, Maio de 2005.

Características ⁽¹⁾	GRUPOS ⁽²⁾							Ordem	
Pré-colheita (M1)	1	2	3	4	5	6	Total	pré-anava	pós-anava
1. CIC	0	4	0	2	4	0	10	20°	11°
2. ALC	0	1	2	1	4	4	12	17°	9°
3. RSP	1	2	0	6	2	0	11	18°	10°
4. APL	0	3	4	5	6	5	23	10°	5°
5. AES	0	2	0	2	0	0	4	d	d
6. DCO	0	8	7	5	5	7	32	3°	2°
7. PEC	7	1	4	5	4	5	26	8°	4°
8. QRA	2	4	2	5	2	8	23	11°	6°
9. NPQ	0	2	2	2	0	0	6	d	d
10. NPA	0	1	2	2	2	0	7	d	d
11. PROL	10	0	8	2	4	3	27	5°	ns
12. RDO	9	7	6	3	5	5	35	2°	na
13. RSE	4	7	5	2	4	5	27	6°	na
14. CPA	9	0	0	0	0	0	9	21°	na
TOTAL	42	42	42	42	42	42	252		
Pós-colheita (M2)									
1. GEMP	6	6	3	4	4	8	31	4°	ns
2. EMP	0	0	5	2	4	0	11	19°	ns
3. FES	5	2	0	2	2	3	14	16°	ns
4. NFG	6	4	5	3	4	5	27	7°	3°
5. NGF	6	4	5	3	5	0	23	12°	7°
6. DES	4	2	3	3	1	0	13	d	d
7. CES	5	2	4	5	1	0	17	13°	8°
8. PROD	6	11	10	5	10	8	50	1°	1°
9. PSA	0	0	0	0	0	0	0	d	d
10. DSA	0	1	0	1	1	0	3	d	d
11. TDG	4	5	2	3	4	6	24	9°	na
12. PMG	0	0	3	2	0	4	9	d	d
13. RGO	0	5	2	4	4	0	15	14°	na
14. DFG	0	0	0	5	2	8	15	15°	ns
TOTAL	42	42	42	42	42	42	252		

⁽¹⁾/ A descrição da correspondência das abreviaturas das variáveis encontra-se na Tabela 1. ^(d)/ características desclassificadas pelos agricultores; ^(na)/ características não avaliadas; ^(ns)/ características que não apresentaram significância ($\alpha \geq 0,05$) entre os tratamentos pela ANAVA. Os números destacados referem-se as cinco variáveis mais votadas em cada momento. ⁽²⁾ / Corresponde a distribuição dos votos (fichas) para cada variável.

Tabela 3.1 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 56 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L1), Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Unidade de Medida	QM		p	Média	CV
		TRAT 55 ⁽²⁾	ERRO 110 ⁽²⁾			
QRA	nota - 1 a 7	0,7593	0,2415	0,0000	1,67	29,49
APL	cm	545,6929	101,1978	0,0000	280,01	3,59
DCO	cm	0,0115	0,0055	0,0005	1,47	5,03
ALC	grau	15,6396	4,2473	0,0000	33,19	6,21
FES	nota - 1 a 3	0,1028	0,0903	0,2803	1,64	18,31
RSP	número	11,5029	2,3509	0,0000	16,74	9,16
PEC	nota - 1 a 3	0,2283	0,0834	0,0000	2,29	12,62
PROL	quociente	0,0021	0,0026	0,7989	1,02	5,05
GEMP	nota - 1 a 3	0,0623	0,0439	0,0613	2,76	7,58
EMP	nota - 1 a 2	0,0490	0,0357	0,0800	1,83	10,31
DFG	nota - 1 a 4	0,0570	0,0402	0,0610	1,26	15,96
NFG	número	1,5210	0,3831	0,0000	13,72	4,51
NGF	número	14,4194	5,0099	0,0000	33,64	6,65
CES	cm	2,6752	0,6752	0,0000	15,14	5,43
CIC	dias	19,2640	2,2169	0,0000	72,36	2,06
PROD	kg.ha ⁻¹	655112,9737	448311,9452	0,0470	5133,44	13,04
NPC	número	1,9303	1,4715	0,1150	14,92	8,13
NEC	número	2,0821	1,6519	0,1525	15,14	8,49

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1;

(2) / Corresponde ao Grau de liberdade da fonte de variação;

Tabela 3.2 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 63 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L2), Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Unidade de Medida	QM		p	Média	CV
		TRAT 62 ⁽²⁾	ERRO 124 ⁽²⁾			
QRA	nota - 1 a 7	0,3034	0,1567	0,0009	1,39	28,44
APL	cm	565,7512	145,4995	0,0000	225,57	5,35
DCO	cm	0,0179	0,0057	0,0000	1,41	5,33
ALC	grau	14,2872	5,2265	0,0000	34,08	6,71
FES	nota - 1 a 3	0,1213	0,1092	0,3073	1,71	19,31
RSP	número	13,7155	2,4399	0,0000	14,34	10,89
PEC	nota - 1 a 3	0,4013	0,1389	0,0000	2,24	16,67
PROL	quociente	0,0037	0,0040	0,6461	1,00	6,38
GEMP	nota - 1 a 3	0,0907	0,0649	0,0579	2,69	9,46
EMP	nota - 1 a 2	0,0620	0,0388	0,0142	1,78	11,09
DFG	nota - 1 a 4	0,0575	0,0460	0,1486	1,23	17,40
NFG	número	0,9956	0,3124	0,0000	13,33	4,19
NGF	número	19,1370	6,8199	0,0000	34,36	7,60
CES	cm	3,9991	0,9579	0,0000	14,72	6,65
CIC	dias	25,3195	6,3300	0,0000	80,92	3,11
PROD	kg.ha ⁻¹	1116666,7679	695350,5382	0,0132	4918,74	16,95
NPC	número	0,1302	0,1333	0,5323	15,96	2,29
NEC	número	1,1522	1,1223	0,4427	15,88	6,67

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1;

(2) / Corresponde ao Grau de liberdade da fonte de variação;

Tabela 3.3 - Quadrados Médios, Valores de Significância, Médias e Coeficientes de Variação Obtidos das Análises de Variância para 18 Variáveis Avaliadas em 61 Tratamentos do Composto de Milho MPA1. Anchieta/SC (L3), Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Unidade de Medida	QM		p	Média	CV
		TRAT 60 ⁽²⁾	ERRO 120 ⁽²⁾			
QRA	nota - 1 a 7	0,2869	0,1047	0,0000	1,23	26,28
APL	cm	550,2717	139,3747	0,0000	249,55	4,73
DCO	cm	0,0224	0,0046	0,0000	1,52	4,47
ALC	grau	9,0441	3,7620	0,0000	33,34	5,82
FES	nota - 1 a 3	0,1466	0,1062	0,0686	1,70	19,22
RSP	número	17,5045	5,7759	0,0000	15,40	15,61
PEC	nota - 1 a 3	0,1668	0,0680	0,0000	2,46	10,59
PROL	quociente	0,0101	0,0105	0,5514	1,06	9,70
GEMP	nota - 1 a 3	0,0805	0,0450	0,0036	2,82	7,53
EMP	nota - 1 a 2	0,0573	0,0403	0,0521	1,81	11,11
DFG	nota - 1 a 4	0,0918	0,0711	0,1192	1,37	19,54
NFG	número	1,6824	0,3357	0,0000	13,60	4,26
NGF	número	11,0169	5,6089	0,0009	37,19	6,37
CES	cm	2,3703	0,6772	0,0000	15,64	5,26
CIC	dias	6,9386	3,6282	0,0014	81,38	2,34
PROD	kg.ha ⁻¹	1214827,3590	762084,3347	0,0158	5502,15	15,87
NPC	número	0,5969	0,4638	0,1222	15,78	4,32
NEC	número	1,5608	1,8330	0,7534	16,62	8,14

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1;

(2) / Corresponde ao Grau de liberdade da fonte de variação.

Tabela 4.1 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L1. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Parâmetros				
	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	\hat{h}^2 (%)	$\hat{C}V_g$ (%)	$\hat{C}V_g / \hat{C}V_e$
ALC	3,797	5,213	72,84	5,87	0,95
QRA	0,173	0,253	68,19	24,93	0,85
RSP	3,051	3,834	79,56	10,43	1,14
APL	148,165	181,898	81,46	4,35	1,21
DCO	0,002	0,004	52,61	3,06	0,61
NFG	0,379	0,507	74,81	4,49	1,00
NGF	3,136	4,806	65,26	5,26	0,79
CES	0,667	0,892	74,76	5,39	0,99
CIC	5,682	6,421	88,49	3,29	1,60
PROD	68933,676	218370,991	31,57	5,11	0,39
PEC	0,048	0,076	63,45	9,60	0,76

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 4.2 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L2. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Parâmetros				
	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	\hat{h}^2 (%)	$\hat{C}V_g$ (%)	$\hat{C}V_g / \hat{C}V_e$
ALC	3,020	4,762	63,42	5,10	0,76
QRA	0,049	0,101	48,37	15,90	0,56
RSP	3,759	4,572	82,21	13,52	1,24
APL	140,084	188,584	74,28	5,25	0,98
DCO	0,004	0,006	68,39	4,53	0,85
NFG	0,228	0,332	68,63	3,58	0,85
NGF	4,106	6,379	64,36	5,90	0,78
CES	1,014	1,333	76,05	6,84	1,03
CIC	6,330	8,440	75,00	3,11	1,00
PROD	140438,743	372222,256	37,73	7,62	0,45
PEC	0,087	0,134	65,38	13,23	0,79

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 4.3 - Estimativa de Parâmetros Estatístico-Genéticos para 11 Variáveis Analisadas a Partir do Experimento L3. Anchieta/SC, Safra 2004/2005.

Variáveis ⁽¹⁾	Parâmetros				
	$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_f^2$	\hat{h}^2 (%)	\hat{CV}_g (%)	\hat{CV}_g / \hat{CV}_e
ALC	1,761	3,015	58,40	3,98	0,68
QRA	0,061	0,096	63,50	20,01	0,76
RSP	3,910	5,835	67,00	12,84	0,82
APL	136,966	183,424	74,67	4,69	0,99
DCO	0,006	0,007	79,31	5,05	1,13
NFG	0,449	0,561	80,05	4,93	1,16
NGF	1,803	3,672	49,09	3,61	0,57
CES	0,564	0,790	71,43	4,80	0,91
CIC	1,103	2,313	47,71	1,29	0,55
PROD	150914,341	404942,453	37,27	7,06	0,45
PEC	0,033	0,056	59,22	7,37	0,70

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
ALC	33,19	0,73	\bar{X}_s	30,75	1,93	16,73	281,50	1,45	13,64	33,29	15,00	72,69	4924,04	2,30
			GS_{DS1}	-1,78	0,18	-0,01	1,21	-0,01	-0,06	-0,23	-0,10	0,29	-66,10	0,01
			GS_{DS2}	-5,35	10,91	-0,05	0,43	-0,49	-0,43	-0,69	-0,68	0,40	-1,29	0,25
			GS_{DS3}	0,00	-63,16	-99,56	-109,17	-117,99	-109,19	-113,11	-111,04	-111,93	-133,98	-97,11
			GS_{ST1}	-2,11	-0,16	-0,58	-0,51	0,01	-0,04	0,53	0,00	0,25	62,71	-0,01
			GS_{ST2}	-6,37	-9,89	-3,43	-0,18	0,53	-0,27	1,59	0,02	0,35	1,22	-0,33
			GS_{ST3}	0,00	-137,79	-70,95	-96,33	-81,17	-105,43	-70,60	-99,61	-108,89	-66,55	-103,42
QRA	1,67	0,68	\bar{X}_s	32,56	2,39	17,09	288,57	1,46	13,20	33,21	15,64	74,26	4949,45	2,32
			GS_{DS1}	-0,46	0,49	0,28	6,97	-0,01	-0,39	-0,28	0,38	1,68	-58,08	0,02
			GS_{DS2}	-1,38	29,61	1,65	2,49	-0,37	-2,84	-0,84	2,48	2,32	-1,13	0,78
			GS_{DS3}	-74,24	0,00	-114,24	-152,73	-113,55	-161,00	-115,91	-59,82	-169,20	-129,86	-90,94
			GS_{ST1}	-0,75	0,44	0,27	9,34	-0,01	-0,35	-0,24	0,45	1,75	-211,95	-0,01
			GS_{ST2}	-2,25	26,16	1,62	3,34	-0,61	-2,55	-0,70	3,00	2,42	-4,13	-0,57
			GS_{ST3}	-64,62	0,00	-113,69	-166,88	-121,47	-151,73	-112,95	-49,32	-161,32	-213,05	-105,90

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
RSP	16,74	0,80	\bar{X}_s	33,43	1,54	14,31	277,79	1,44	13,83	33,67	14,88	72,17	5257,98	2,30
			GS_{DS1}	0,18	-0,09	-1,94	-1,81	-0,02	0,08	0,02	-0,19	-0,17	39,31	0,01
			GS_{DS2}	0,53	-5,26	-11,56	-0,65	-1,05	0,61	0,05	-1,26	-0,24	0,77	0,25
			GS_{DS3}	-109,89	-117,76	0,00	-86,33	-138,78	-86,91	-99,08	-120,39	-92,84	-79,79	-97,11
			GS_{ST1}	-0,67	0,07	-1,98	2,18	0,02	0,03	-0,26	0,26	0,20	-76,91	-0,01
			GS_{ST2}	-2,02	4,18	-11,83	0,78	1,53	0,22	-0,78	1,73	0,27	-1,50	-0,55
			GS_{ST3}	-68,27	-84,03	0,00	-115,58	-45,62	-95,44	-114,47	-70,74	-106,93	-141,02	-105,69
APL	280,01	0,81	\bar{X}_s	33,68	1,33	16,07	263,78	1,46	13,92	33,65	14,47	70,67	5172,54	2,34
			GS_{DS1}	0,36	-0,23	-0,54	-13,22	-0,01	0,15	0,01	-0,50	-1,50	12,34	0,03
			GS_{DS2}	1,08	-13,83	-3,20	-4,72	-0,40	1,08	0,02	-3,29	-2,07	0,24	1,30
			GS_{DS3}	-120,15	-146,71	-72,34	0,00	-114,90	-76,88	-99,61	-153,32	-38,18	-93,65	-84,78
			GS_{ST1}	-0,09	0,35	0,32	-13,96	0,02	-0,18	-0,01	0,65	2,05	-78,52	-0,11
			GS_{ST2}	-0,26	20,90	1,89	-4,99	1,18	-1,31	-0,04	4,29	2,83	-1,53	-4,70
			GS_{ST3}	-95,89	-20,11	-115,95	0,00	-58,03	-126,55	-100,70	-27,58	-171,91	-141,88	-148,33

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
DCO	1,47	0,53	\bar{X}_s	33,96	1,71	17,57	285,52	1,54	13,38	34,33	15,71	73,50	5007,06	2,20
			GS_{DS1}	0,57	0,03	0,66	4,49	0,04	-0,25	0,45	0,42	1,01	-39,89	-0,06
			GS_{DS2}	1,70	1,95	3,92	1,60	2,71	-1,86	1,34	2,80	1,39	-0,78	-2,46
			GS_{DS3}	-131,87	-93,42	-133,92	-133,96	0,00	-139,83	-74,53	-54,65	-141,43	-120,51	-128,71
			GS_{ST1}	0,29	-0,07	0,71	3,78	0,04	0,00	-0,04	0,26	1,18	-183,84	-0,08
			GS_{ST2}	0,87	-4,33	4,25	1,35	2,82	0,03	-0,11	1,71	1,64	-3,58	-3,28
			GS_{ST3}	-113,60	-116,56	-135,96	-127,11	0,00	-99,49	-102,05	-71,18	-141,53	-198,05	-133,75
NFG	13,72	0,75	\bar{X}_s	32,99	1,52	16,90	279,44	1,49	14,58	33,55	15,01	72,02	5356,55	2,29
			GS_{DS1}	-0,15	-0,10	0,12	-0,47	0,01	0,64	-0,06	-0,09	-0,30	70,43	0,00
			GS_{DS2}	-0,44	-5,85	0,72	-0,17	0,72	4,66	-0,17	-0,62	-0,41	1,37	-0,08
			GS_{DS3}	-91,82	-119,74	-106,22	-96,46	-73,38	0,00	-103,20	-110,08	-87,64	-63,79	-100,96
			GS_{ST1}	-0,12	-0,25	0,08	-3,40	0,00	0,68	-0,56	-0,41	-0,68	74,15	0,02
			GS_{ST2}	-0,36	-14,85	0,51	-1,22	0,02	4,93	-1,67	-2,73	-0,94	1,44	1,01
			GS_{ST3}	-94,43	-156,75	-104,29	-75,62	-99,28	0,00	-130,83	-146,09	-76,14	-60,45	-89,65

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
NGF	33,64	0,65	\bar{X}_s	34,35	1,55	16,88	281,81	1,47	13,59	36,36	15,93	72,19	5473,89	2,32
			GS_{DS1}	0,84	-0,08	0,11	1,47	0,00	-0,10	1,77	0,59	-0,15	107,47	0,02
			GS_{DS2}	2,54	-4,87	0,65	0,52	0,20	-0,71	5,27	3,90	-0,21	2,09	0,84
			GS_{DS3}	-147,50	-116,45	-105,63	-111,11	-92,72	-115,32	0,00	-36,92	-93,71	-44,75	-90,17
			GS_{ST1}	0,56	-0,05	-0,23	-0,08	0,00	-0,18	1,82	0,41	-0,07	165,66	0,07
			GS_{ST2}	1,68	-3,24	-1,40	-0,03	-0,07	-1,33	5,41	2,74	-0,09	3,23	3,07
			GS_{ST3}	-126,34	-112,39	-88,13	-99,44	-102,55	-126,89	0,00	-53,82	-97,70	-11,65	-68,44
CES	15,14	0,75	\bar{X}_s	33,19	1,89	17,56	290,44	1,51	13,43	35,27	16,39	73,62	5276,16	2,24
			GS_{DS1}	0,00	0,15	0,65	8,50	0,02	-0,22	1,07	0,94	1,11	45,05	-0,03
			GS_{DS2}	0,01	9,16	3,89	3,04	1,52	-1,60	3,17	6,18	1,54	0,88	-1,40
			GS_{DS3}	-100,12	-69,08	-133,63	-164,29	-44,05	-134,26	-39,89	0,00	-145,77	-76,84	-116,38
			GS_{ST1}	0,01	0,24	0,54	9,28	0,02	-0,31	0,96	0,90	1,57	-5,99	-0,01
			GS_{ST2}	0,03	14,54	3,25	3,31	1,16	-2,27	2,86	5,93	2,17	-0,12	-0,23
			GS_{ST3}	-100,40	-44,44	-127,49	-166,47	-59,05	-146,06	-47,09	0,00	-155,12	-103,20	-102,32

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
CIC	72,36	0,88	\bar{X}_s	33,33	1,38	17,07	269,77	1,47	13,93	33,51	14,57	69,62	5291,96	2,34
			GS_{DS1}	0,11	-0,20	0,26	-8,34	0,00	0,15	-0,08	-0,43	-2,43	50,04	0,03
			GS_{DS2}	0,32	-11,88	1,56	-2,98	0,07	1,13	-0,25	-2,83	-3,36	0,97	1,44
			GS_{DS3}	-105,98	-140,13	-113,46	-36,93	-97,51	-75,77	-104,69	-145,76	0,00	-74,27	-83,24
			GS_{ST1}	0,23	0,35	0,15	10,91	0,03	-0,19	-0,06	0,59	-2,85	-203,54	-0,09
			GS_{ST2}	0,69	20,82	0,91	3,90	1,97	-1,39	-0,17	3,87	-3,94	-3,96	-4,03
			GS_{ST3}	-110,79	-20,43	-107,70	-178,12	-30,14	-128,23	-103,12	-34,75	0,00	-208,56	-141,46
PROD	5133,44	0,32	\bar{X}_s	33,27	1,54	16,90	282,37	1,48	14,05	35,16	15,58	71,67	5749,62	2,24
			GS_{DS1}	0,06	-0,09	0,12	1,92	0,01	0,25	0,99	0,33	-0,62	194,51	-0,03
			GS_{DS2}	0,19	-5,26	0,74	0,69	0,42	1,80	2,95	2,17	-0,85	3,79	-1,47
			GS_{DS3}	-103,54	-117,76	-106,41	-114,54	-84,44	-61,28	-43,93	-64,86	-74,62	0,00	-117,15
			GS_{ST1}	0,31	-0,23	-0,32	-2,27	-0,02	0,11	0,78	-0,01	-1,10	187,49	0,00
			GS_{ST2}	0,92	-13,69	-1,92	-0,81	-1,66	0,82	2,31	-0,08	-1,53	3,65	0,10
			GS_{ST3}	-114,49	-152,33	-83,72	-83,77	-158,83	-83,31	-57,26	-101,35	-61,27		-98,96

Tabela 5.1 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L1, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
PEC	2,29	0,63	\bar{X}_s	33,38	1,64	16,52	274,46	1,44	13,74	34,02	14,95	71,81	5222,58	2,60
			GS_{DS1}	0,14	-0,02	-0,18	-4,52	-0,01	0,02	0,25	-0,14	-0,49	28,14	0,20
			GS_{DS2}	0,42	-0,97	-1,05	-1,61	-0,84	0,12	0,73	-0,92	-0,68	0,55	8,56
			GS_{DS3}	-107,94	-103,29	-90,94	-65,83	-130,88	-97,49	-86,10	-114,94	-79,83	-85,53	0,00
			GS_{ST1}	-0,06	-0,02	-0,09	-5,26	-0,02	0,06	0,56	-0,02	-0,85	3,91	0,22
			GS_{ST2}	-0,19	-1,44	-0,54	-1,88	-1,15	0,43	1,66	-0,12	-1,17	0,08	9,72
			GS_{ST3}	-97,02	-105,49	-95,46	-62,35	-140,70	-91,23	-69,32	-101,97	-70,27	-97,92	

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
ALC	34,08	0,63	\bar{X}_s	31,42	1,52	14,47	228,23	1,42	13,25	34,05	14,97	81,89	4729,37	2,31
			GS_{DS1}	-1,68	0,06	0,11	1,98	0,00	-0,05	-0,20	0,19	0,73	-71,45	0,05
			GS_{DS2}	-4,94	4,62	0,73	0,88	0,34	-0,39	-0,59	1,28	0,90	-1,45	2,21
			GS_{DS3}	0,00	-72,29	-104,55	-116,00	-92,82	-111,29	-110,10	-82,36	-129,76	-124,75	-82,36
			GS_{ST1}	-1,76	-0,14	0,04	-1,39	0,00	0,04	0,02	-0,24	-0,71	158,05	-0,07
			GS_{ST2}	-5,16	-10,23	0,29	-0,62	-0,15	0,29	0,06	-1,63	-0,88	3,21	-3,01
			GS_{ST3}	0,00	-172,84	-101,84	-89,25	-103,19	-92,43	-99,00	-121,53	-74,23	-45,98	-100,59
QRA	1,39	0,48	\bar{X}_s	32,86	1,87	15,19	232,96	1,46	13,11	35,20	15,70	83,56	4701,61	2,23
			GS_{DS1}	-0,77	0,23	0,70	5,49	0,03	-0,15	0,54	0,75	1,98	-81,92	0,00
			GS_{DS2}	-2,27	16,67	4,85	2,43	2,08	-1,15	1,57	5,09	2,44	-1,67	-0,13
			GS_{DS3}	-54,00	0,00	-130,01	-144,44	-56,48	-133,15	-73,07	-29,79	-180,98	-128,38	-101,01
			GS_{ST1}	-0,98	0,20	0,63	3,85	0,03	-0,06	0,37	0,52	2,22	-220,44	-0,03
			GS_{ST2}	-2,87	14,05	4,37	1,71	1,87	-0,42	1,09	3,54	2,74	-4,48	-1,48
			GS_{ST3}	-44,45	0,00	-128,03	-129,72	-60,72	-111,14	-81,86	-53,30	-180,18	-175,35	-100,29

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
RSP	14,34	0,82	\bar{X}_s	34,00	1,24	11,52	218,09	1,35	13,30	33,65	13,88	79,56	4934,13	2,24
			GS_{DS1}	-0,05	-0,07	-2,32	-5,56	-0,04	-0,02	-0,46	-0,63	-1,02	5,81	0,01
			GS_{DS2}	-0,14	-5,11	-16,16	-2,46	-3,07	-0,14	-1,33	-4,31	-1,27	0,12	0,26
			GS_{DS3}	-97,11	-130,67	0,00	-55,00	-164,12	-104,01	-122,80	-159,37	-58,05	-97,99	-97,90
			GS_{ST1}	0,04	0,09	-2,23	3,76	0,05	0,02	0,60	0,55	0,93	43,96	0,00
			GS_{ST2}	0,12	6,69	-15,58	1,67	3,24	0,12	1,76	3,74	1,15	0,89	-0,20
			GS_{ST3}	-102,38	-52,36	0,00	-129,00	-31,93	-96,93	-70,81	-50,61	-133,46	-84,97	-100,04
APL	225,57	0,74	\bar{X}_s	34,22	1,34	14,07	208,94	1,38	13,26	33,20	14,03	79,40	4625,78	2,35
			GS_{DS1}	0,09	-0,02	-0,23	-12,35	-0,02	-0,05	-0,75	-0,52	-1,14	-110,53	0,08
			GS_{DS2}	0,27	-1,71	-1,57	-5,48	-1,51	-0,34	-2,18	-3,54	-1,41	-2,25	3,45
			GS_{DS3}	-105,48	-110,28	-90,28	0,00	-131,64	-109,97	-137,36	-148,76	-53,27	-138,29	-72,52
			GS_{ST1}	-0,22	0,09	0,59	-12,97	0,04	-0,02	1,11	0,76	2,41	114,18	-0,04
			GS_{ST2}	-0,65	6,41	4,08	-5,75	2,75	-0,17	3,24	5,20	2,98	2,32	-1,94
			GS_{ST3}	-87,41	-54,36	-126,20	0,00	-42,10	-104,54	-46,10	-31,45	-187,10	-60,97	-100,38

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
DCO	1,41	0,68	\bar{X}_s	33,90	1,60	15,60	234,19	1,51	13,15	35,76	15,52	82,02	5068,79	2,22
			GS_{DS1}	-0,11	0,10	1,04	6,40	0,07	-0,13	0,90	0,61	0,83	56,61	-0,01
			GS_{DS2}	-0,33	7,25	7,24	2,84	4,78	-0,94	2,62	4,17	1,02	1,15	-0,45
			GS_{DS3}	-93,34	-56,53	-144,84	-151,82	0,00	-127,19	-55,16	-42,55	-133,85	-80,39	-103,60
			GS_{ST1}	-0,06	0,11	1,27	6,91	0,07	-0,09	1,32	0,74	1,45	61,54	-0,02
			GS_{ST2}	-0,18	7,80	8,82	3,06	4,76	-0,71	3,83	5,02	1,79	1,25	-1,07
			GS_{ST3}	-96,56	-44,45	-156,63	-153,31	0,00	-118,89	-36,32	-33,85	-152,24	-78,97	-100,21
NFG	13,33	0,69	\bar{X}_s	33,98	1,43	14,07	224,75	1,39	14,00	34,08	14,64	80,60	4935,01	2,21
			GS_{DS1}	-0,06	0,02	-0,23	-0,61	-0,01	0,46	-0,19	-0,06	-0,24	6,14	-0,02
			GS_{DS2}	-0,18	1,22	-1,57	-0,27	-0,98	3,45	-0,54	-0,39	-0,30	0,12	-0,78
			GS_{DS3}	-96,27	-92,67	-90,28	-95,07	-120,58	0,00	-109,25	-105,38	-90,15	-97,87	-106,19
			GS_{ST1}	0,14	-0,03	0,06	-0,54	-0,01	0,50	-0,23	-0,16	-0,91	132,24	0,01
			GS_{ST2}	0,42	-2,22	0,40	-0,24	-0,90	3,77	-0,67	-1,08	-1,13	2,69	0,25
			GS_{ST3}	-108,19	-115,80	-102,56	-95,80	-118,96	0,00	-111,13	-114,27	-67,00	-54,80	-99,95

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
NGF	34,36	0,64	\bar{X}_s	33,87	1,39	14,91	231,54	1,45	13,31	37,48	15,63	82,16	5328,98	2,26
			GS_{DS1}	-0,13	0,00	0,47	4,43	0,02	-0,02	2,00	0,69	0,93	154,78	0,01
			GS_{DS2}	-0,39	-0,01	3,27	1,96	1,66	-0,12	5,83	4,69	1,14	3,15	0,65
			GS_{DS3}	-92,09	-100,09	-120,24	-135,87	-65,27	-103,34	0,00	-35,35	-137,95	-46,38	-94,80
			GS_{ST1}	0,02	0,05	0,51	6,06	0,04	-0,05	2,07	0,78	1,35	219,14	0,02
			GS_{ST2}	0,05	3,39	3,56	2,68	2,85	-0,39	6,01	5,33	1,66	4,46	1,03
			GS_{ST3}	-101,01	-75,86	-122,85	-146,70	-40,08	-110,44	0,00	-29,69	-148,59	-25,10	-99,80
CES	14,72	0,76	\bar{X}_s	33,04	1,64	15,46	236,50	1,47	13,09	36,40	16,12	83,42	4931,28	2,31
			GS_{DS1}	-0,65	0,12	0,92	8,12	0,04	-0,16	1,31	1,07	1,88	4,73	0,05
			GS_{DS2}	-1,92	8,48	6,44	3,60	2,57	-1,21	3,81	7,25	2,32	0,10	2,21
			GS_{DS3}	-61,11	-49,12	-139,87	-165,74	-46,24	-135,14	-34,61	0,00	-176,88	-98,36	-82,36
			GS_{ST1}	-0,45	0,14	1,02	9,10	0,05	-0,08	1,72	1,12	2,19	37,29	0,03
			GS_{ST2}	-1,33	10,32	7,12	4,03	3,50	-0,60	4,99	7,58	2,71	0,76	1,47
			GS_{ST3}	-74,19	-26,57	-145,69	-170,18	-26,45	-115,82	-16,92	0,00	-179,25	-87,26	-99,71

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Selecionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Selecionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
CIC	80,92	0,75	\bar{X}_s	33,90	1,28	14,33	215,46	1,37	13,44	33,19	13,97	77,67	4931,08	2,20
			GS_{DS1}	-0,11	-0,05	-0,01	-7,51	-0,03	0,07	-0,76	-0,57	-2,44	4,66	-0,02
			GS_{DS2}	-0,33	-3,88	-0,06	-3,33	-1,94	0,55	-2,20	-3,86	-3,02	0,09	-0,97
			GS_{DS3}	-93,34	-123,26	-99,66	-39,19	-140,64	-84,13	-137,79	-153,24	0,00	-98,39	-107,75
			GS_{ST1}	-0,54	0,24	0,68	11,40	0,04	-0,18	1,17	0,87	-2,77	-0,73	0,01
			GS_{ST2}	-1,57	17,47	4,76	5,05	2,72	-1,36	3,40	5,93	-3,42	-0,01	0,29
			GS_{ST3}	-69,52	24,32	-130,52	-187,94	-42,72	-136,06	-43,38	-21,84	0,00	-100,25	-99,94
PROD	4918,74	0,38	\bar{X}_s	34,40	1,33	15,13	233,50	1,45	13,51	36,44	15,44	80,20	5683,79	2,19
			GS_{DS1}	0,21	-0,03	0,65	5,89	0,02	0,12	1,34	0,55	-0,54	288,65	-0,03
			GS_{DS2}	0,60	-2,18	4,52	2,61	1,58	0,91	3,89	3,73	-0,67	5,87	-1,36
			GS_{DS3}	-112,18	-113,06	-127,96	-147,68	-67,05	-73,53	-33,32	-48,51	-77,85	0,00	-110,85
			GS_{ST1}	0,57	-0,11	0,15	2,57	0,01	0,12	0,91	0,07	0,00	292,57	-0,07
			GS_{ST2}	1,66	-8,26	1,07	1,14	0,55	0,94	2,64	0,48	0,00	5,95	-2,94
			GS_{ST3}	-132,14	-158,77	-106,90	-119,82	-88,40	-75,15	-56,09	-93,68	-99,87	0,00	-100,57

Tabela 5.2 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L2, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
PEC	2,24	0,65	\bar{X}_s	33,74	1,41	14,21	224,53	1,42	13,36	35,18	15,02	80,67	5105,99	2,66
			GS_{DS1}	-0,21	0,01	-0,10	-0,77	0,00	0,02	0,52	0,23	-0,19	70,65	0,28
			GS_{DS2}	-0,62	0,60	-0,73	-0,34	0,31	0,16	1,53	1,57	-0,24	1,44	12,55
			GS_{DS3}	-87,48	-96,38	-95,48	-93,74	-93,52	-95,39	-73,85	-78,32	-92,20	-75,52	0,00
			GS_{ST1}	-0,40	-0,03	-0,03	-1,63	-0,01	0,01	0,16	0,10	0,05	-109,49	11,42
			GS_{ST2}	-1,18	-2,07	-0,18	-0,72	-0,36	0,07	0,46	0,70	0,06	-2,23	7,02
			GS_{ST3}	-77,14	-114,71	-98,82	-87,42	-107,50	-98,23	-92,33	-90,71	-101,87	-137,42	0,00

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
ALC	33,34	0,58	\bar{X}_s	31,32	1,32	15,72	252,86	1,57	13,77	37,54	15,67	81,73	5423,24	2,42
			GS_{DS1}	-1,18	0,06	0,22	2,47	0,03	0,14	0,17	0,02	0,17	-29,41	-0,03
			GS_{DS2}	-3,54	4,55	1,40	0,99	2,27	1,01	0,47	0,15	0,21	-0,53	-1,14
			GS_{DS3}	0,00	-78,83	-111,98	-120,04	-60,47	-82,76	-85,54	-97,09	-118,65	-109,39	-117,34
			GS_{ST1}	-1,29	-0,03	0,14	-2,26	-0,01	-0,03	0,42	0,08	-0,18	131,11	-0,02
			GS_{ST2}	-3,87	-2,42	0,89	-0,91	-0,81	-0,25	1,13	0,54	-0,22	2,38	-1,00
			GS_{ST3}	0,00	-111,95	-106,68	-82,39	-114,22	-104,41	-64,96	-89,51	-80,32	-56,50	-113,86
QRA	1,23	0,63	\bar{X}_s	32,94	1,65	15,04	258,73	1,55	13,81	37,66	16,01	82,27	5442,69	2,52
			GS_{DS1}	-0,23	0,26	-0,24	6,85	0,02	0,17	0,23	0,27	0,42	-22,16	0,04
			GS_{DS2}	-0,70	21,51	-1,54	2,75	1,22	1,25	0,62	1,71	0,52	-0,40	1,43
			GS_{DS3}	-80,23	0,00	-86,85	-155,53	-78,80	-78,76	-80,62	-67,53	-146,57	-107,08	-78,23
			GS_{ST1}	-0,17	0,25	0,03	6,37	0,02	0,07	0,49	0,41	0,88	18,85	0,04
			GS_{ST2}	-0,50	20,26	0,22	2,55	1,05	0,50	1,32	2,59	1,08	0,34	1,80
			GS_{ST3}	-87,01	0,00	-101,68	-149,57	-81,63	-91,03	-58,91	-49,74	-195,09	-93,75	-75,03

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
RSP	15,40	0,67	\bar{X}_s	33,18	1,25	12,71	239,99	1,49	13,42	36,20	15,32	80,73	5298,16	2,47
			GS_{DS1}	-0,10	0,01	-1,80	-7,14	-0,03	-0,14	-0,49	-0,23	-0,31	-76,02	0,00
			GS_{DS2}	-0,29	0,89	-11,71	-2,86	-1,94	-1,03	-1,31	-1,44	-0,38	-1,38	0,09
			GS_{DS3}	-91,77	-95,88	0,00	-42,12	-133,74	-117,47	-140,68	-127,34	-66,30	-124,29	-98,60
			GS_{ST1}	0,10	0,00	-2,06	3,19	0,06	0,21	0,93	0,39	0,69	27,77	-0,03
			GS_{ST2}	0,30	0,36	-13,36	1,28	3,63	1,55	2,51	2,51	0,84	0,50	-1,10
			GS_{ST3}	-107,66	-98,23	0,00	-124,84	-36,49	-72,43	-21,86	-51,37	-174,50	-90,79	-115,26
APL	249,55	0,75	\bar{X}_s	33,24	1,05	14,10	233,03	1,47	13,64	36,05	14,81	80,49	5215,16	2,43
			GS_{DS1}	-0,06	-0,11	-0,87	-12,34	-0,04	0,03	-0,56	-0,59	-0,42	-106,96	-0,02
			GS_{DS2}	-0,17	-9,19	-5,66	-4,94	-2,76	0,25	-1,50	-3,77	-0,52	-1,94	-0,76
			GS_{DS3}	-95,06	-142,75	-51,69	0,00	-148,06	-95,67	-146,69	-171,59	-53,51	-134,17	-111,64
			GS_{ST1}	-0,29	0,15	0,57	-12,85	0,04	-0,04	0,94	0,60	1,06	20,09	-0,01
			GS_{ST2}	-0,87	11,81	3,70	-5,15	2,66	-0,26	2,52	3,84	1,31	0,37	-0,49
			GS_{ST3}	-77,48	-41,71	-127,68	0,00	-53,55	-104,61	-21,60	-25,65	-215,48	-93,34	-106,80

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
DCO	1,52	0,79	\bar{X}_s	32,71	1,37	17,29	259,35	1,63	13,83	38,65	16,39	81,89	5678,48	2,44
			GS_{DS1}	-0,37	0,09	1,27	7,32	0,09	0,19	0,72	0,54	0,24	65,71	-0,01
			GS_{DS2}	-1,11	7,07	8,25	2,93	5,75	1,38	1,93	3,43	0,30	1,19	-0,60
			GS_{DS3}	-68,69	-67,11	-170,44	-159,30	0,00	-76,53	-40,04	-34,83	-126,79	-79,01	-109,19
			GS_{ST1}	-0,25	0,06	1,55	6,34	0,09	0,22	1,33	0,67	0,42	267,30	-0,02
			GS_{ST2}	-0,75	4,65	10,04	2,54	5,72	1,65	3,58	4,27	0,51	4,86	-0,77
			GS_{ST3}	-80,69	-77,05	-175,18	-149,33	0,00	-70,63	11,23	-17,28	-145,33	-11,32	-110,63
NFG	13,60	0,80	\bar{X}_s	33,46	1,29	16,21	249,94	1,54	14,60	36,87	15,44	81,73	5567,14	2,51
			GS_{DS1}	0,06	0,04	0,54	0,29	0,01	0,80	-0,16	-0,14	0,17	24,22	0,03
			GS_{DS2}	0,19	2,95	3,53	0,12	0,95	5,88	-0,42	-0,90	0,21	0,44	1,21
			GS_{DS3}	-105,50	-86,29	-130,15	-102,33	-83,43	0,00	-113,02	-117,08	-118,65	-92,26	-81,49
			GS_{ST1}	-0,08	0,03	0,68	-0,64	0,03	0,76	0,08	-0,12	0,18	71,05	0,02
			GS_{ST2}	-0,23	2,29	4,40	-0,25	1,69	5,60	0,22	-0,78	0,22	1,29	0,75
			GS_{ST3}	-93,95	-88,69	-132,94	-95,06	-70,36	0,00	-93,08	-115,18	-119,21	-76,43	-89,65

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
NGF	37,19	0,49	\bar{X}_s	34,19	1,34	16,56	253,91	1,59	13,58	39,63	16,48	81,20	5967,64	2,48
			GS_{DS1}	0,49	0,07	0,78	3,26	0,05	-0,01	1,20	0,60	-0,08	173,48	0,01
			GS_{DS2}	1,48	5,47	5,05	1,30	3,18	-0,09	3,22	3,84	-0,10	3,15	0,52
			GS_{DS3}	-141,77	-74,57	-143,11	-126,39	-44,75	-101,45	0,00	-27,03	-90,73	-44,58	-92,08
			GS_{ST1}	0,38	0,08	1,18	6,63	0,06	0,03	1,20	0,53	0,47	243,33	-0,03
			GS_{ST2}	1,14	6,44	7,65	2,65	3,94	0,24	3,21	3,37	0,58	4,42	-1,04
			GS_{ST3}	-129,45	-68,23	-157,25	-151,54	-31,16	-95,75	0,00	-34,74	-150,83	-19,27	-114,41
CES	15,64	0,71	\bar{X}_s	33,20	1,39	16,77	259,59	1,60	13,48	39,22	16,79	81,67	5857,27	2,48
			GS_{DS1}	-0,08	0,10	0,92	7,49	0,06	-0,09	1,00	0,82	0,14	132,34	0,01
			GS_{DS2}	-0,25	8,22	5,96	3,00	3,83	-0,69	2,68	5,27	0,17	2,41	0,31
			GS_{DS3}	-92,87	-61,79	-150,87	-160,72	-33,35	-111,69	-16,74	0,00	-115,16	-57,72	-95,34
			GS_{ST1}	0,17	0,14	1,07	9,14	0,06	-0,10	1,14	0,81	0,62	221,65	0,01
			GS_{ST2}	0,50	11,46	6,93	3,66	4,26	-0,76	3,05	5,16	0,76	4,03	0,60
			GS_{ST3}	-112,82	-43,46	-151,84	-171,12	-25,50	-113,55	-5,04	0,00	-166,70	-26,47	-91,66

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Seleccionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Seleccionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
CIC	81,38	0,48	\bar{X}_s	33,66	1,12	15,08	242,31	1,48	13,52	36,82	15,22	79,47	5786,61	2,39
			GS_{DS1}	0,18	-0,07	-0,22	-5,41	-0,03	-0,06	-0,18	-0,30	-0,91	106,01	-0,04
			GS_{DS2}	0,55	-5,99	-1,40	-2,17	-2,16	-0,45	-0,49	-1,93	-1,12	1,93	-1,72
			GS_{DS3}	-115,40	-127,84	-88,03	-56,15	-137,50	-107,68	-115,30	-136,67	0,00	-66,13	-126,30
			GS_{ST1}	-0,21	0,18	1,09	9,48	0,02	0,09	0,59	0,36	-0,92	-19,22	0,04
			GS_{ST2}	-0,62	14,48	7,09	3,80	1,56	0,64	1,59	2,30	-1,13	-0,35	1,66
			GS_{ST3}	-83,93	-28,56	-153,04	-173,78	-72,73	-88,55	-50,60	-55,45	0,00	-106,38	-76,97
PROD	5502,15	0,37	\bar{X}_s	33,78	1,28	16,33	252,18	1,55	13,58	38,63	16,28	80,49	6342,11	2,45
			GS_{DS1}	0,25	0,03	0,62	1,96	0,02	-0,02	0,71	0,45	-0,42	313,04	-0,01
			GS_{DS2}	0,76	2,26	4,05	0,79	1,33	-0,11	1,90	2,91	-0,52	5,69	-0,34
			GS_{DS3}	-121,44	-89,49	-134,60	-115,90	-76,87	-101,90	-40,95	-44,80	-53,51	0,00	-105,12
			GS_{ST1}	0,36	0,01	0,11	0,43	0,04	0,08	0,73	0,31	-0,05	301,43	-0,04
			GS_{ST2}	1,07	0,74	0,68	0,17	2,38	0,61	1,97	1,98	-0,06	5,48	-1,54
			GS_{ST3}	-127,76	-96,33	-105,13	-103,33	-58,33	-89,03	-38,71	-61,63	-95,02	0,00	-121,37

Tabela 5.3 - Estimativas das Médias Originais (\bar{X}_o), Médias Selecionadas (\bar{X}_s), Coeficientes de Herdabilidade Restrita (\hat{h}^2), Ganho de Seleção Direto (valores em negrito) Ganho de Seleção Indireta Estimada a Partir do Diferencial de Seleção em Valores Absolutos (GS_{DS1}), Percentuais (GS_{DS2}), Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{DS3}) e Estimativas de Ganhos de Seleção Realizadas a Partir da Seleção Truncada em Valores Absolutos (GS_{ST1}), Percentuais (GS_{ST2}) e Percentuais de Redução em Relação ao Ganho Direto de Seleção (GS_{ST3}) para Variáveis Avaliadas em L3, Safra 2004/2005.

Variável Selecionada ⁽¹⁾	\bar{X}_o	\hat{h}^2		Resposta nas Variáveis a 25% de Intensidade de Seleção										
				ALC	QRA	RSP	APL	DCO	NFG	NGF	CES	CIC	PROD	PEC
PEC	2,46	0,59	\bar{X}_s	33,57	1,22	15,07	248,28	1,51	13,64	36,83	15,66	81,51	5551,76	2,74
			GS_{DS1}	0,13	-0,01	-0,22	-0,95	-0,01	0,04	-0,18	0,02	0,06	18,49	0,16
			GS_{DS2}	0,39	-0,72	-1,43	-0,38	-0,62	0,28	-0,48	0,10	0,08	0,34	6,56
			GS_{DS3}	-111,00	-103,34	-87,78	-92,31	-110,81	-95,22	-114,75	-98,08	-107,02	-94,09	0,00
			GS_{ST1}	-0,18	0,06	-0,28	-0,69	-0,01	0,06	-0,21	0,06	0,26	-102,37	0,18
			GS_{ST2}	-0,54	4,72	-1,80	-0,28	-0,45	0,43	-0,56	0,36	0,32	-1,86	7,21
			GS_{ST3}	-85,94	-76,71	-86,51	-94,61	-107,94	-92,34	-117,38	-93,09	-128,59	-133,96	0,00

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1.

Tabela 6.1 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L1, Safra 2004/2005.

Combinação de Caracteres ⁽¹⁾	PM		$\beta^{(2)}$		$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
	FMI	ERRO	p			
	GI = 55	GI = 100				
ALC x QRA	-0,86	0,03	0,7820	ns	0,03	-0,30
ALC x RSP	-2,78	0,32	0,2845	ns	0,32	-1,03
ALC x APL	2,25	5,01	0,0106	*	5,01	-0,92
ALC x DCO	0,09	0,05	0,0012	**	0,05	0,01
ALC x NFG	-0,26	-0,07	0,5927	ns	-0,07	-0,07
ALC x NGF	3,49	0,61	0,1693	ns	0,61	0,96
ALC x CES	0,23	0,21	0,1958	ns	0,21	0,01
ALC x CIC	1,48	0,12	0,6958	ns	0,12	0,45
ALC x PROD	617,73	279,77	0,0328	*	279,77	112,65
QRA x RSP	0,35	0,03	0,6516	ns	0,03	0,11
QRA x APL	11,22	0,13	0,7763	ns	0,13	3,70
QRA x DCO	0,00	0,01	0,0028	**	0,01	0,00
QRA x NFG	-0,41	0,01	0,7185	ns	0,01	-0,14
QRA x NGF	-0,16	0,12	0,2660	ns	0,12	-0,09
QRA x CES	0,63	0,09	0,0211	*	0,09	0,18
QRA x CIC	2,04	-0,04	0,5684	ns	-0,04	0,69
QRA x PROD	-186,07	65,62	0,0359	*	65,62	-83,89
RSP x APL	14,31	4,26	0,0034	**	4,26	3,35
RSP x DCO	0,12	0,01	0,2671	ns	0,01	0,03
RSP x NFG	0,22	0,08	0,4017	ns	0,08	0,05
RSP x NGF	-1,56	-0,34	0,2977	ns	-0,34	-0,41
RSP x CES	1,07	-0,14	0,2323	ns	-0,14	0,40
RSP x CIC	0,34	-0,57	0,0080	**	-0,57	0,30
RSP x PROD	-211,79	143,69	0,1429	ns	143,69	-118,49
APL x DCO	0,75	0,20	0,0044	**	0,20	0,18
APL x NFG	-4,42	1,30	0,0275	*	1,30	-1,91
APL x NGF	2,88	3,29	0,1259	ns	3,29	-0,14
APL x CES	21,72	1,04	0,1893	ns	1,04	6,90
APL x CIC	63,40	-1,84	0,1982	ns	-1,84	21,75
APL x PROD	-928,47	1571,25	0,0137	*	1571,25	-833,24
DCO x NFG	0,00	0,00	0,6731	ns	0,00	0,00
DCO x NGF	0,05	0,06	0,0002	**	0,06	0,00
DCO x CES	0,06	0,02	0,0000	**	0,02	0,01
DCO x CIC	0,17	-0,01	0,6250	ns	-0,01	0,06
DCO x PROD	-14,35	12,53	0,0073	**	12,53	-8,96

Tabela 6.1 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L1, Safra 2004/2005.

Combinação de Caracteres ⁽¹⁾	PM		$\beta^{(2)}$		$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
	FMI	ERRO	p			
	GI = 55	GI = 100				
NFG x NGF	-0,73	0,21	0,1057	ns	0,21	-0,31
NFG x CES	-0,60	0,10	0,0385	*	0,10	-0,23
NFG x CIC	-1,18	-0,04	0,6901	ns	-0,04	-0,38
NFG x PROD	256,48	131,87	0,0007	**	131,87	41,54
NGF x CES	3,32	1,17	0,0000	**	1,17	0,71
NGF x CIC	-0,72	-0,38	0,2282	ns	-0,38	-0,11
NGF x PROD	1580,58	723,36	0,0000	**	723,36	285,74
CES x CIC	3,60	0,10	0,3966	ns	0,10	1,17
CES x PROD	204,30	217,65	0,0000	**	217,65	-4,45
CIC x PROD	-1458,58	-241,20	0,0105	*	-241,20	-405,80
PEC x ALC	-0,20	-0,15	0,0060	**	-0,15	-0,01
PEC x QRA	0,00	0,01	0,3704	ns	0,01	-0,01
PEC x RSP	-0,10	-0,04	0,3407	ns	-0,04	-0,02
PEC x APL	-3,86	-0,44	0,1150	ns	-0,44	-1,14
PEC x DCO	-0,01	0,00	0,7897	ns	0,00	0,00
PEC x NFG	0,07	0,03	0,1124	ns	0,03	0,01
PEC x NGF	0,33	-0,03	0,6328	ns	-0,03	0,12
PEC x CES	-0,02	0,00	0,8556	ns	0,00	0,00
PEC x CIC	-0,57	-0,01	0,7453	ns	-0,01	-0,18
PEC x PROD	23,93	21,39	0,2480	ns	21,39	0,85

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontram-se na Tabela 1;

(2) / Refere-se ao nível de significância estimado para o coeficiente angular obtido a partir da análise de covariância. ns/**/ *: não significativo, significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Tabela 6.2 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L2, Safra 2004/2005.

Combinação de Caracteres ⁽¹⁾	PM		$\beta^{(2)}$ p	$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
	FMI	ERRO			
	GI = 62	GI = 124			
ALC x QRA	-0,65	0,08	0,3260 ns	0,08	-0,24
ALC x RSP	0,07	-0,14	0,6549 ns	-0,14	0,07
ALC x APL	-7,65	-0,47	0,8490 ns	-0,47	-2,39
ALC x DCO	0,00	0,01	0,5592 ns	0,01	0,00
ALC x NFG	0,14	-0,05	0,6360 ns	-0,05	0,07
ALC x NGF	0,64	0,53	0,3241 ns	0,53	0,04
ALC x CES	-1,28	-0,04	0,8433 ns	-0,04	-0,41
ALC x CIC	-4,51	-0,84	0,1051 ns	-0,84	-1,23
ALC x PROD	938,25	124,14	0,4706 ns	124,14	271,37
QRA x RSP	0,45	-0,02	0,6615 ns	-0,02	0,16
QRA x APL	4,27	1,38	0,0011 **	1,38	0,96
QRA x DCO	0,02	0,00	0,0962 ns	0,00	0,01
QRA x NFG	-0,04	0,00	1,0000 ns	0,00	-0,01
QRA x NGF	0,43	0,15	0,1027 ns	0,15	0,09
QRA x CES	0,50	0,11	0,0016 **	0,11	0,13
QRA x CIC	1,56	-0,10	0,2552 ns	-0,10	0,56
QRA x PROD	-95,22	70,26	0,0172 *	70,26	-55,16
RSP x APL	21,17	2,19	0,1958 ns	2,19	6,32
RSP x DCO	0,25	0,02	0,1117 ns	0,02	0,08
RSP x NFG	0,21	0,13	0,0855 ns	0,13	0,03
RSP x NGF	3,20	0,15	0,6761 ns	0,15	1,01
RSP x CES	2,84	0,06	0,6782 ns	0,06	0,93
RSP x CIC	3,67	-1,00	0,0041 **	-1,00	1,56
RSP x PROD	454,94	233,06	0,0459 *	233,06	73,96
APL x DCO	1,60	0,34	0,0000 **	0,34	0,42
APL x NFG	-1,10	-0,36	0,5543 ns	-0,36	-0,25
APL x NGF	47,39	11,29	0,0000 **	11,29	12,03
APL x CES	30,02	5,23	0,0000 **	5,23	8,27
APL x CIC	67,27	-10,91	0,0000 **	-10,91	26,06
APL x PROD	9816,31	6115,28	0,0000 **	6115,28	1233,68
DCO x NFG	-0,01	0,00	0,4157 ns	0,00	-0,01
DCO x NGF	0,31	0,07	0,0001 **	0,07	0,08
DCO x CES	0,16	0,03	0,0000 **	0,03	0,04
DCO x CIC	0,23	-0,03	0,0582 ns	-0,03	0,09
DCO x PROD	32,64	21,42	0,0001 **	21,42	3,74

Tabela 6.2 - Estimativas dos Produtos Médios e Significância, Covariância dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L2, Safra 2004/2005.

Combinação de Caracteres ⁽¹⁾	PM		$\beta^{(2)}$ p		$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
	FMI	ERRO				
	GI = 62	GI = 124				
NFG x NGF	-0,14	0,17	0,1850	ns	0,17	-0,10
NFG x CES	-0,18	0,03	0,5024	ns	0,03	-0,07
NFG x CIC	-1,27	-0,03	0,8428	ns	-0,03	-0,41
NFG x PROD	216,17	36,35	0,3872	ns	36,35	59,94
NGF x CES	6,63	1,95	0,0000	**	1,95	1,56
NGF x CIC	6,15	-1,87	0,0013	**	-1,87	2,67
NGF x PROD	2687,35	1380,98	0,0000	**	1380,98	435,46
CES x CIC	5,47	-0,51	0,0196	*	-0,51	1,99
CES x PROD	650,21	548,59	0,0000	**	548,59	33,87
CIC x PROD	-1049,12	-1044,09	0,0000	**	-1044,09	-1,68
PEC x ALC	-0,28	0,06	0,4124	ns	0,06	-0,12
PEC x QRA	-0,01	0,01	0,4606	ns	0,01	-0,01
PEC x RSP	-0,04	-0,01	0,8070	ns	-0,01	-0,01
PEC x APL	-1,76	-0,35	0,3830	ns	-0,35	-0,47
PEC x DCO	0,00	0,00	0,3080	ns	0,00	0,00
PEC x NFG	0,04	0,03	0,0776	ns	0,03	0,00
PEC x NGF	0,34	0,21	0,0173	*	0,21	0,05
PEC x CES	0,16	0,07	0,0268	*	0,07	0,03
PEC x CIC	0,07	0,03	0,7672	ns	0,03	0,01
PEC x PROD	-67,27	27,25	0,3310	ns	27,25	-31,51

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontram-se na Tabela 1;

(2) / Refere-se ao nível de significância estimado para o coeficiente angular obtido a partir da análise de covariância. ^{ns}/^{**}/ *: não significativo, significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Tabela 6.3 - Estimativas dos Produtos Médios e Significâncias, Covariâncias dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L3, Safra 2004/2005.

Combinação de Caracteres ⁽¹⁾	PM		$\beta^{(2)}$		$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
	FMI	ERRO				
	GI = 60	GI = 120	p			
ALC x QRA	-0,16	-0,04	0,4820	ns	-0,04	-0,04
ALC x RSP	0,83	0,27	0,5295	ns	0,27	0,19
ALC x APL	-8,54	0,73	0,7269	ns	0,73	-3,09
ALC x DCO	-0,05	0,00	0,8925	ns	0,00	-0,02
ALC x NFG	-0,11	0,03	0,7833	ns	0,03	-0,05
ALC x NGF	1,94	0,22	0,5992	ns	0,22	0,57
ALC x CES	0,39	0,05	0,7506	ns	0,05	0,12
ALC x CIC	-1,18	-0,44	0,1921	ns	-0,44	-0,25
ALC x PROD	761,58	224,26	0,1476	ns	224,26	179,11
QRA x RSP	0,23	0,21	0,0028	**	0,21	0,01
QRA x APL	5,74	1,09	0,0016	**	1,09	1,55
QRA x DCO	0,02	0,01	0,0113	*	0,01	0,00
QRA x NFG	0,08	0,03	0,0467	*	0,03	0,02
QRA x NGF	0,48	0,12	0,0807	ns	0,12	0,12
QRA x CES	0,32	0,03	0,3026	ns	0,03	0,10
QRA x CIC	0,49	-0,15	0,0072	**	-0,15	0,21
QRA x PROD	57,01	43,25	0,0937	ns	43,25	4,59
RSP x APL	35,19	16,99	0,0000	**	16,99	6,07
RSP x DCO	0,34	0,02	0,1708	ns	0,02	0,11
RSP x NFG	1,63	0,43	0,0005	**	0,43	0,40
RSP x NGF	6,64	1,31	0,0110	*	1,31	1,78
RSP x CES	2,75	0,51	0,0045	**	0,51	0,75
RSP x CIC	1,31	-2,60	0,0000	**	-2,60	1,31
RSP x PROD	1383,24	1224,89	0,0000	**	1224,89	52,78
APL x DCO	1,42	0,13	0,0846	ns	0,13	0,43
APL x NFG	0,65	1,77	0,0041	**	1,77	-0,37
APL x NGF	34,98	5,01	0,0492	*	5,01	9,99
APL x CES	21,02	1,84	0,0377	*	1,84	6,39
APL x CIC	23,98	-10,06	0,0000	**	-10,06	11,35
APL x PROD	6791,54	6149,43	0,0000	**	6149,43	214,04
DCO x NFG	0,06	0,01	0,0071	**	0,01	0,02
DCO x NGF	0,28	0,01	0,6822	ns	0,01	0,09
DCO x CES	0,14	0,01	0,3260	ns	0,01	0,05
DCO x CIC	0,08	0,00	0,9154	ns	0,00	0,03
DCO x PROD	60,57	6,02	0,2691	ns	6,02	18,18

Tabela 6.3 - Estimativas dos Produtos Médios e Significâncias, Covariâncias dos resíduos ($\hat{\sigma}_{XY}$) e Covariâncias Genéticas ($\hat{\sigma}_g XY$) entre 55 Pares de Variáveis Analisadas em L3, Safra 2004/2005.

Combinação de	PM		$\beta^{(2)}$		$\hat{\sigma}_{XY}$	$\hat{\sigma}_g XY$
Caracteres ⁽¹⁾	FMI	ERRO				
	GI = 60	GI = 120	p			
NFG x NGF	0,11	-0,03	0,7961	ns	-0,03	0,05
NFG x CES	-0,15	0,06	0,1418	ns	0,06	-0,07
NFG x CIC	0,15	-0,16	0,1114	ns	-0,16	0,10
NFG x PROD	245,74	120,15	0,0087	**	120,15	41,87
NGF x CES	3,92	1,54	0,0000	**	1,54	0,79
NGF x CIC	0,62	-1,50	0,0002	**	-1,50	0,71
NGF x PROD	2084,29	983,66	0,0000	**	983,66	366,88
CES x CIC	0,80	-0,50	0,0004	**	-0,50	0,43
CES x PROD	779,77	314,75	0,0000	**	314,75	155,01
CIC x PROD	-1077,38	-1008,37	0,0000	**	-1008,37	-23,00
PEC x ALC	-0,02	0,08	0,0940	ns	0,08	-0,03
PEC x QRA	0,03	0,00	0,7979	ns	0,00	0,01
PEC x RSP	-0,17	-0,02	0,7710	ns	-0,02	-0,05
PEC x APL	-0,24	0,15	0,6076	ns	0,15	-0,13
PEC x DCO	0,00	0,00	0,8101	ns	0,00	0,00
PEC x NFG	0,04	0,00	0,7288	ns	0,00	0,01
PEC x NGF	-0,07	0,05	0,3996	ns	0,05	-0,04
PEC x CES	0,06	0,03	0,2021	ns	0,03	0,01
PEC x CIC	0,16	0,01	0,8382	ns	0,01	0,05
PEC x PROD	-47,16	9,81	0,6388	ns	9,81	-18,99

(1) / A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontram-se na Tabela 1;

(2) / Refere-se ao nível de significância estimado para o coeficiente angular obtido a partir da análise de covariância. ns/**/ *: não significativo, significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
ALC x QRA	0,01	-0,11	0,29	-0,07	-0,46	0,33	0,16	0,13	0,19
	-0,25 ns	-0,37 **	0,03 ns	-0,31 *	-0,64 **	0,09 ns	-0,10 ns	-0,12 ns	-0,06 ns
	-0,48	-0,57	-0,23	-0,52	-0,76	-0,16	-0,34	-0,36	-0,31
ALC x RSP	0,06	-0,04	0,35	0,25	0,26	0,21	0,31	0,32	0,31
	-0,21 ns	-0,30 *	0,10 ns	0,00 ns	0,02 ns	-0,04 ns	0,07 ns	0,07 ns	0,06 ns
	-0,44	-0,52	-0,17	-0,24	-0,25	-0,28	-0,19	-0,19	-0,20
ALC x APL	0,28	0,23	0,48	0,17	0,14	0,23	0,14	0,06	0,28
	0,02 ns	-0,04 ns	0,24 ns	-0,09 ns	-0,12 ns	-0,02 ns	-0,12 ns	-0,20 ns	0,03 ns
	-0,23	-0,30	-0,02	-0,33	-0,35	-0,26	-0,36	-0,43	-0,23
ALC x DCO	0,44	0,40	0,52	0,24	0,22	0,30	0,14	0,09	0,23
	0,21 ns	0,16 ns	0,30 *	0,00 ns	-0,03 ns	0,05 ns	-0,12 ns	-0,17 ns	-0,01 ns
	-0,06	-0,11	0,04	-0,25	-0,28	-0,20	-0,35	-0,40	-0,26
ALC x NFG	0,22	0,21	0,22	0,28	0,32	0,21	0,23	0,21	0,27
	-0,05 ns	-0,05 ns	-0,05 ns	0,04 ns	0,08 ns	-0,04 ns	-0,03 ns	-0,05 ns	0,03 ns
	-0,31	-0,31	-0,32	-0,22	-0,17	-0,29	-0,28	-0,30	-0,23
ALC x NGF	0,47	0,51	0,38	0,28	0,25	0,33	0,42	0,53	0,30
	0,23 ns	0,28 *	0,13 ns	0,04 ns	0,01 ns	0,09 ns	0,19 ns	0,32 *	0,05 ns
	-0,03	0,02	-0,14	-0,21	-0,23	-0,16	-0,06	0,08	-0,21
ALC x CES	0,29	0,26	0,37	0,08	0,01	0,23	0,33	0,35	0,28
	0,04 ns	0,00 ns	0,12 ns	-0,17 ns	-0,24 ns	-0,02 ns	0,08 ns	0,12 ns	0,03 ns
	-0,23	-0,26	-0,14	-0,40	-0,45	-0,26	-0,17	-0,14	-0,23

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
ALC x CIC	0,34	0,35	0,30	0,01	-0,03	0,11	0,11	0,08	0,14
	0,09 ns	0,10 ns	0,04 ns	-0,24 ns	-0,28 *	-0,15 ns	-0,15 ns	-0,18 ns	-0,12 ns
	-0,18	-0,17	-0,23	-0,45	-0,49	-0,38	-0,39	-0,41	-0,36
ALC x PROD	0,43	0,45	0,44	0,45	0,60	0,31	0,45	0,55	0,37
	0,19 ns	0,22 ns	0,20 ns	0,23 ns	0,42 **	0,07 ns	0,23 ns	0,35 **	0,13 ns
	-0,07	-0,05	-0,06	-0,01	0,19	-0,19	-0,02	0,11	-0,12
QRA x RSP	0,37	0,40	0,30	0,44	0,56	0,21	0,34	0,26	0,48
	0,12 ns	0,15 ns	0,04 ns	0,22 ns	0,37 **	-0,04 ns	0,10 ns	0,02 ns	0,27 *
	-0,15	-0,12	-0,23	-0,03	0,13	-0,28	-0,15	-0,23	0,02
QRA x APL	0,71	0,83	0,29	0,53	0,56	0,50	0,63	0,69	0,50
	0,55 **	0,73 **	0,03 ns	0,33 **	0,37 **	0,29 *	0,46 **	0,54 **	0,28 *
	0,34	0,57	-0,23	0,09	0,13	0,04	0,23	0,33	0,04
QRA x DCO	0,26	0,08	0,51	0,53	0,64	0,38	0,44	0,44	0,45
	0,00 ns	-0,19 ns	0,28 *	0,33 **	0,47 **	0,15 ns	0,21 ns	0,21 ns	0,23 ns
	-0,26	-0,43	0,02	0,09	0,24	-0,10	-0,05	-0,05	-0,02
QRA x NFG	-0,13	-0,33	0,29	0,18	0,12	0,24	0,36	0,34	0,41
	-0,38 **	-0,54 **	0,03 ns	-0,08 ns	-0,13 ns	0,00 ns	0,12 ns	0,10 ns	0,18 ns
	-0,58	-0,70	-0,23	-0,32	-0,37	-0,24	-0,14	-0,16	-0,07
QRA x NGF	0,22	0,14	0,36	0,40	0,44	0,38	0,48	0,56	0,40
	-0,05 ns	-0,13 ns	0,11 ns	0,18 ns	0,21 ns	0,15 ns	0,27 *	0,36 **	0,16 ns
	-0,31	-0,38	-0,16	-0,07	-0,04	-0,11	0,02	0,12	-0,10
QRA x CES	0,63	0,69	0,45	0,63	0,72	0,49	0,58	0,69	0,34
	0,44 **	0,53 **	0,22 ns	0,45 **	0,59 **	0,28 *	0,39 **	0,53 **	0,09 ns
	0,20	0,31	-0,05	0,23	0,40	0,03	0,15	0,33	-0,16

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
QRA x CIC	0,69	0,81	0,21	0,71	1,00	0,15	0,55	0,89	0,01
	0,53 **	0,70 **	-0,05 ns	0,56 **	1,00 **	-0,10 ns	0,35 **	0,82 **	-0,24 ns
	0,31	0,53	-0,31	0,37	0,99	-0,34	0,11	0,72	-0,47
QRA x PROD	0,00	-0,63	0,44	0,37	0,99	-0,34	0,34	0,30	0,39
	-0,26 *	-0,77 **	0,20 ns	-0,16 ns	-0,67 **	0,21 ns	0,10 ns	0,05 ns	0,15 ns
	-0,49	-0,86	-0,07	-0,40	-0,92	-0,04	-0,16	-0,21	-0,01
RSP x APL	0,42	0,40	0,50	0,46	0,49	0,35	0,55	0,48	0,74
	0,18 ns	0,16 ns	0,28 *	0,24 ns	0,28 *	0,12 ns	0,36 **	0,26 *	0,60 **
	-0,09	-0,11	0,01	-0,01	0,03	-0,14	0,12	0,01	0,40
RSP x DCO	0,53	0,63	0,36	0,66	0,75	0,38	0,69	0,80	0,36
	0,32 *	0,44 **	0,11 ns	0,50 **	0,62 **	0,14 ns	0,54 **	0,69 **	0,13 ns
	0,06	0,21	-0,16	0,29	0,44	-0,11	0,33	0,53	-0,13
RSP x NFG	0,31	0,30	0,34	0,30	0,37	0,39	0,51	0,51	0,52
	0,05 ns	0,04 ns	0,08 ns	0,06 ns	0,03 ns	0,15 ns	0,30 *	0,30 *	0,31 ns
	-0,22	-0,22	-0,19	-0,20	-0,23	-0,10	0,05	0,05	0,06
RSP x NGF	0,15	0,14	0,17	0,42	0,48	0,28	0,65	0,78	0,45
	-0,12 ns	-0,13 ns	-0,10 ns	0,20 ns	0,26 *	0,04 ns	0,48 **	0,67 **	0,23 ns
	-0,37	0,38	-0,35	-0,05	0,01	-0,22	0,25	0,50	-0,02
RSP x CES	0,43	0,51	0,15	0,57	0,64	0,28	0,61	0,67	0,48
	0,19 ns	0,28 *	-0,11 ns	0,38 **	0,48 **	0,04 ns	0,43 **	0,50 **	0,26 *
	-0,07	0,02	-0,36	0,15	0,25	-0,22	0,20	0,28	0,01

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
RSP x CIC	0,28	0,33	0,01	0,38	0,52	-0,01	0,36	0,76	-0,37
	0,02 ns	0,07 ns	-0,25 ns	0,20 ns	0,32 *	-0,25 *	0,12 ns	0,63 **	-0,57 **
	-0,24	-0,20	-0,48	-0,05	0,08	-0,47	-0,14	0,44	-0,71
RSP x PROD	0,19	0,00	0,39	0,35	0,34	0,40	0,51	0,32	0,43
	-0,08 ns	-0,26 ns	0,14 ns	0,12 ns	0,10 ns	0,18 ns	0,30 *	0,07 ns	0,58 **
	-0,34	-0,48	-0,13	-0,14	-0,15	-0,07	0,05	-0,19	0,39
APL x DCO	0,52	0,55	0,49	0,67	0,70	0,57	0,59	0,65	0,40
	0,30 *	0,34 *	0,27 *	0,50 **	0,56 **	0,37 **	0,40 **	0,48 **	0,16 ns
	0,04	0,08	0,01	0,29	0,35	0,14	0,17	0,25	-0,10
APL x NFG	0,11	0,01	0,44	0,21	0,21	0,20	0,27	0,21	0,48
	-0,15 ns	-0,25 ns	0,21 ns	-0,05 ns	-0,04 ns	-0,05 ns	0,02 ns	-0,05 ns	0,26 *
	-0,40	-0,48	-0,06	-0,29	-0,29	-0,30	-0,23	-0,30	0,01
APL x NGF	0,29	0,25	0,40	0,63	0,66	0,55	0,63	0,76	0,41
	0,03 ns	-0,01 ns	0,15 ns	0,46 **	0,50 **	0,36 **	0,45 **	0,64 **	0,18 ns
	0,23	0,37	-0,12	0,23	0,29	0,12	0,23	0,45	-0,08
APL x CES	0,72	0,80	0,38	0,76	0,80	0,62	0,72	0,82	0,42
	0,57 **	0,69 **	0,13 ns	0,63 **	0,69 **	0,44 **	0,58 **	0,73 **	0,19 ns
	0,36	0,53	-0,14	0,45	0,53	0,22	0,39	0,58	-0,07
APL x CIC	0,75	0,84	0,15	0,71	0,92	-0,12	0,58	0,95	-0,22
	0,62 **	0,75 **	-0,12 ns	0,56 **	0,88 **	-0,36 **	0,39 **	0,92 **	-0,45 **
	0,42	0,60	-0,37	0,36	0,79	-0,55	0,15	0,87	-0,63

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
APL x PROD	0,22	0,01	0,47	0,58	0,49	0,74	0,48	0,29	0,73
	-0,05 ns	-0,26 ns	0,23 ns	0,39 **	0,28 *	0,61 **	0,26 *	0,05 ns	0,60 **
	0,31	-0,49	-0,03	0,16	0,03	0,42	0,01	-0,21	0,40
DCO x NFG	0,28	0,37	0,30	0,15	0,06	0,32	0,50	0,51	0,47
	0,02 ns	0,01 ns	0,04 ns	-0,11 ns	-0,19 ns	0,07 ns	0,28 *	0,30 *	0,24 ns
	-0,24	-0,25	-0,23	-0,34	-0,41	-0,18	0,04	0,05	-0,01
DCO x NGF	0,38	0,24	0,56	0,68	0,74	0,55	0,71	0,92	0,28
	0,13 ns	-0,02 ns	0,35 **	0,53 **	0,62 **	0,35 **	0,56 **	0,88 **	0,04 ns
	-0,14	-0,28	0,10	0,32	0,44	0,11	0,35	0,80	-0,22
DCO x CES	0,56	0,54	0,60	0,74	0,80	0,58	0,74	0,86	0,34
	0,36 **	0,34 **	0,40 **	0,61 **	0,70 **	0,39 **	0,61 **	0,79 **	0,09 ns
	0,10	0,09	0,16	0,43	0,54	0,16	0,43	0,66	-0,17
DCO x CIC	0,56	0,70	0,22	0,54	0,70	0,08	0,44	0,55	0,24
	0,36 **	0,54 **	-0,05 ns	0,34 **	0,55 **	-0,17 ns	0,21 ns	0,35 **	-0,01 ns
	0,10	0,32	-0,31	0,11	0,34	-0,40	-0,04	0,11	-0,26
DCO x PROD	0,10	-0,62	0,48	0,45	0,39	0,54	0,56	0,64	0,34
	-0,17 ns	-0,76 **	0,25 ns	0,23 ns	0,16 ns	0,34 **	0,37 **	0,61 **	0,10 ns
	-0,41	-0,85	-0,01	-0,02	-0,10	0,10	0,13	0,42	-0,16
NFG x NGF	0,11	-0,03	0,40	0,22	0,14	0,35	0,27	0,30	0,23
	-0,16 ns	-0,29 *	0,15 ns	-0,03 ns	-0,11 ns	0,12 ns	0,03 ns	0,05 ns	-0,02 ns
	-0,40	-0,51	-0,11	-0,37	-0,34	-0,13	-0,23	-0,20	-0,27

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
NFG x CES	-0,03	-0,23	0,44	0,16	0,10	0,30	0,18	0,11	0,37
	-0,29 *	-0,46 **	0,20 ns	-0,09 ns	-0,15 ns	0,06 ns	-0,08 ns	-0,14 ns	0,13 ns
	-0,51	-0,64	-0,07	-0,34	-0,38	-0,19	-0,32	-0,38	-0,12
NFG x CIC	0,05	0,01	0,23	-0,01	-0,11	0,23	0,29	0,39	0,11
	-0,22 ns	-0,26 ns	-0,04 ns	-0,25 *	-0,34 **	-0,02 ns	0,04 ns	0,15 ns	-0,15 ns
	-0,45	-0,48	-0,30	-0,47	-0,54	-0,26	-0,21	-0,11	-0,38
NFG x PROD	0,48	0,48	0,53	0,43	0,53	0,31	0,40	0,40	0,46
	0,26 ns	0,26 ns	0,32 *	0,21 ns	0,34 **	0,08 ns	0,17 ns	0,16 ns	0,24 ns
	-0,01	-0,01	0,06	-0,05	0,10	-0,17	-0,08	-0,10	-0,02
NGF x CES	0,70	0,67	0,77	0,84	0,85	0,85	0,85	0,86	0,86
	0,53 **	0,49 **	0,64 **	0,76 **	0,76 **	0,76 **	0,77 **	0,79 **	0,79 **
	0,32	0,26	0,45	0,63	0,63	0,63	0,64	0,67	0,67
NGF x CIC	0,23	0,23	0,15	0,49	0,68	-0,04	0,32	0,67	-0,09
	-0,04 ns	-0,03 ns	-0,12 ns	0,28 *	0,52 **	-0,28 *	0,07 ns	0,50 **	-0,33 **
	-0,30	-0,29	-0,37	0,03	0,32	-0,50	-0,19	0,28	-0,53
NGF x PROD	0,68	0,75	0,66	0,72	0,72	0,76	0,72	0,81	0,64
	0,51 **	0,61 **	0,48 **	0,58 **	0,57 **	0,63 **	0,57 **	0,70 **	0,48 **
	0,29	0,42	0,25	0,39	0,38	0,46	0,37	0,55	0,25
CES x CIC	0,67	0,74	0,34	0,69	0,86	0,04	0,43	0,70	-0,07
	0,50 **	0,60 **	0,08 ns	0,54 **	0,79 **	-0,21 ns	0,20 ns	0,55 **	-0,32 *
	0,37	0,40	-0,19	0,34	0,67	-0,43	-0,06	0,34	-0,52

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
CES x PROD	0,40	0,24	0,59	0,51	0,33	0,79	0,63	0,69	0,62
	0,15 ns	-0,02 ns	0,40 **	0,31 *	0,09 ns	0,67 **	0,46 **	0,53 **	0,44 **
	-0,11	-0,28	0,15	0,06	-0,16	0,51	0,23	0,32	0,21
CIC x PROD	-0,17	-0,46	0,02	0,05	0,24	-0,28	-0,13	0,20	-0,42
	-0,41 **	-0,65 **	-0,24 ns	-0,20 ns	0,00 ns	-0,50 **	-0,37 **	-0,06 ns	-0,61 **
	-0,61	-0,89	-0,48	-0,42	-0,24	-0,66	-0,57	-0,30	-0,74
PEC x ALC	0,17	0,23	0,00	0,13	0,44	0,32	0,23	0,12	0,39
	-0,10 ns	-0,03 ns	-0,26 ns	-0,12 ns	-0,23 ns	0,07 ns	-0,02 ns	-0,14 ns	0,15 ns
	-0,35	-0,29	-0,49	-0,35	-0,44	-0,18	-0,27	-0,38	-0,10
PEC x QRA	0,25	0,21	0,34	0,21	0,13	0,31	0,38	0,46	0,23
	-0,01 ns	-0,06 ns	0,09 ns	-0,04 ns	-0,13 ns	0,07 ns	0,14 ns	0,24 ns	-0,02 ns
	-0,37	-0,32	-0,18	-0,29	-0,36	-0,19	-0,12	-0,01	-0,27
PEC x RSP	0,21	0,22	0,18	0,23	0,23	0,23	0,16	0,11	0,23
	-0,06 ns	-0,05 ns	-0,09 ns	-0,02 ns	-0,01 ns	-0,02 ns	-0,10 ns	-0,14 ns	-0,03 ns
	-0,32	-0,31	-0,34	-0,26	-0,26	-0,37	-0,33	-0,38	-0,27
PEC x APL	-0,09	-0,19	0,12	0,14	0,12	0,17	0,23	0,20	0,29
	-0,35 **	-0,43 **	-0,15 ns	-0,12 ns	-0,13 ns	-0,08 ns	-0,03 ns	-0,06 ns	0,05 ns
	-0,55	-0,61	-0,40	-0,35	-0,37	-0,32	-0,37	-0,31	-0,21
PEC x DCO	0,04	-0,12	0,23	0,23	0,18	0,34	0,19	0,17	0,23
	-0,22 ns	-0,37 **	-0,03 ns	-0,02 ns	-0,08 ns	0,09 ns	-0,07 ns	-0,09 ns	-0,02 ns
	-0,46	-0,58	-0,28	-0,26	-0,32	-0,16	-0,32	-0,34	-0,27

Tabela 7 - Estimativas dos Coeficientes de Correlação Fenotípica (F), Genotípica (G) e de Ambiente (A) e Intervalos de Confiança para 55 Combinações entre pares Constituídos a partir de 11 Variáveis Analisadas nos Experimentos Conduzidos em L1, L2 e L3, na Safra 2004/2005.

Combinações entre Variáveis ⁽¹⁾	L - 1			L - 2			L - 3		
	F	G	A	F	G	A	F	G	A
PEC x NFG	0,36	0,34	0,40	0,31	0,26	0,39	0,32	0,34	0,28
	0,11 ns	0,10 ns	0,15 ns	0,06 ns	0,02 ns	0,16 ns	0,07 ns	0,09 ns	0,03 ns
	-0,16	-0,17	-0,12	-0,19	-0,23	-0,09	-0,19	-0,17	-0,23
PEC x NGF	0,43	0,53	0,22	0,36	0,32	0,44	0,21	0,10	0,32
	0,18 ns	0,31 *	-0,05 ns	0,12 ns	0,08 ns	0,21 ns	-0,05 ns	-0,16 ns	0,08 ns
	-0,08	0,05	-0,31	-0,13	-0,18	-0,04	-0,30	-0,40	-0,18
PEC x CES	0,24	0,24	0,24	0,36	0,34	0,42	0,34	0,32	0,35
	-0,02 ns	-0,02 ns	-0,02 ns	0,13 ns	0,10 ns	0,20 ns	0,09 ns	0,08 ns	0,12 ns
	-0,28	-0,28	-0,28	-0,12	-0,15	-0,05	-0,17	-0,18	-0,14
PEC x CIC	-0,01	-0,10	0,23	0,26	0,26	0,37	0,38	0,48	0,27
	-0,27 *	-0,35 **	-0,03 ns	0,02 ns	0,02 ns	0,03 ns	0,15 ns	0,26 *	0,02 ns
	-0,50	-0,56	-0,29	-0,23	-0,23	-0,23	-0,11	0,01	-0,23
PEC x PROD	0,32	0,37	0,36	0,15	-0,04	0,33	0,15	-0,02	0,29
	0,06 ns	0,01 ns	0,11 ns	-0,10 ns	-0,28 *	0,09 ns	-0,10 ns	-0,27 *	0,04 ns
	-0,21	-0,24	-0,16	-0,34	-0,50	-0,17	-0,34	-0,48	-0,21

(1) A denominação das variáveis correspondentes às abreviaturas de variáveis encontra-se na Tabela 1;

^{ns}/^{**}/^{*}: não significativo, significativo a 1% e 5%, respectivamente.

BIBLIOGRAFIAS

AGUIAR, A.M. Uso de delineamento III com marcadores moleculares para análise genética da produção de grãos e seus componentes em milho. Piracicaba, 2003. 145p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo.

ALKADDOUSSI, A.R. Genetic variability, character associations and path coefficient and its implications in some genotypes of maize (*Zea mays* L.). **Ann. of Agri. Sci.**, v.28, p.2001-2011, 1990.

ALMEKINDERS, C.J.M. & DE BOEF, W.S. **Encouraging diversity: the conservation and development of plant genetic resources**. London: Intermediate Technology publications. 2000. p.362.

ALMEKINDERS, C.J.M. & ELINGS, A. Collaboration of Farmers and Breeders: Participatory Crop Improvement in Perspective. **Euphytica**, n.122, p.425-438, 2001.

ALVES, A.C.; OGLIARI, J.B.; VOGT, G.C.; CANCI, A.; BALBINOT JR, A.A.; FONSECA, J.A. Milho crioulo: rendimento de grãos e características agronômicas. **In:** CANCI, A.; VOGT, G.A.; CANCI, I.J. A diversidade das espécies crioulas em Anchieta-SC. Editora Gráfica McLee Ltda., São Miguel do Oeste-SC, 2004b, p.87-94.

ALVES, A.C.; VOGT, G.C.; FANTINI, A.C.; OGLIARI, J.B.; MARASCHIN, M. Variedades locais de milho e a agricultura familiar do extremo Oeste Catarinense. **In:** CANCI, A.; VOGT, G.A.; CANCI, I.J. A diversidade das espécies crioulas em Anchieta-SC. Editora Gráfica McLee Ltda., São Miguel do Oeste-SC, 2004a, p.67-85.

ANDERSEN-PINSTRUP, P. Global Food Security: facts, myths and policy needs. IFA – FAO **Agricultura Conference**: Rome – Italy, 2003. Disponível em: <http://www.fao.org> Acesso em: 10 junho de 2004.

ARAÚJO, P.M. & PATERNIANI, E. Aspectos Gerais de Plantas Alógamas. **In:** Melhoramento genético de plantas. Londrina: ed. UEL, 1999, p.820.

ARIAS, C.A.A. & SOUZA JR, C.L. Genetic variance and covariance components related to intra-and interpopulation recurrent selection in maize (*Zea mays* L.). **Genetics and Molecular Biology**, v.21, n.4, p.537-544, 1998.

ARIAS, C.A.A.; SOUZA JUNIOR, C.L.; TAKEDA, C. Path coefficient analyses of ear weight in different types of progeny in maize. **Maydica**, v.44, p.251-262, 1999.

AZAR, C.; MATHER, E.D.; HAMILTON, R.I. Maize landraces of the St. Lawrence–Great Lakes region of North America. **Euphytica**, n.98, p.141–148, 1997.

BALBINOT JR, A.A.; BACHES, R.L.; ALVES, A.C.; OGLIARI, J.B. FONSECA, J.A. Importância dos componentes de rendimento na determinação da produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. In: XXV Congresso Nacional de Milho e Sorgo, 2004, Cuibá – Mato Grosso: ABMS, p.343.

BALBINOT JR, A.A.; BACKES, R.L.; ALVES, A.C.; OGLIARI, J.B.; FONSECA, J. Contribuição de componentes de rendimento na produtividade de grãos em variedades de polinização aberta de milho. **Ver. Bras. Agrociência**, Pelotas, v.11, n.2, p. 161-166. 2005.

BARBIN, D. **Componentes de variância**. Piracicaba: FEALQ/USP, 2000, p.109.

BELLON, M.R. & BRUSCH, S.B. Keepers of maize in Chiapas. **Econ. Bot.**, v.48, p.196-209, 1994.

BISOGNIN, D.A.; CIPRANDI, O.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. Potencial de variedades de polinização aberta de milho em diferentes condições adversas de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Gaúcha**, Porto Alegre, v.3, n.1, p.29-34, 1997.

BOLAÑOS, J. & EDMEADES, G.O. The importance of the anthesis-silking interval in breeding for drought tolerance in tropical maize. **Field Crops Research**, v.48, p.65-80, p.1996.

BUENO, L.C.S.; MENDES, A.N.G.; CARVALHO, S.P. **Melhoramento Genético de Plantas: Princípios e procedimentos**. Lavras: UFLA, 2001, p.282.

BÜLL, T.L. & CANTARELLA, H. **Cultura do milho: fatores que afetam a produtividade**. Piracicaba: Potafos, 1993, p.301.

CANCI, A. **Sementes crioulas: construindo soberania na mão do agricultor**. São Miguel do Oeste: Meclee, 2002, p.160.

CANCI, A.; VOGT, G.A.; CANCI, I.J. **A diversidade das espécies crioulas em Anchieta – SC: Diagnóstico, resultado de pesquisa e outros apontamentos para a conservação da agrobiodiversidade**. São Miguel do Oeste: Meclee, 2004, p.112.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.DE L. DA S.; SANTOS, M.X.; DE SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CMS 35 no Estado de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37, n.10, p.1399-1405, 2002.

CARVALHO, H.W.L.; LEAL, M.L.S.; SANTOS, M.X.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos da variedade BR 5028-São Francisco no Nordeste Brasileiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 38, n.8, p.929 -935, 2003b.

CARVALHO, H.W.L.; SANTOS, M.X.; LEAL, M.L.S.; SOUZA, E.M. Estimativas de parâmetros genéticos na população de milho CPATC-3 em dois locais de Sergipe. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.1, p.73 -78, 2003a.

CARVALHO, V.P.; RUAS, C.F.; FERREIRA, J.M.; MOREIRA, R.M.P.; Ruas, M.P. Genetic diversity among maize (*Zea mays* L.) landraces assessed by RAPD Markers. **Genetics and Molecular Biology**, v. 27. n. 2. p.228-236, 2004.

CECCARELLI, S.; GRANDO, S.; SINGH, M.; MICHAEL, M.; SHIKHO, A.; AL ISSA, M.; AL SALEH, A.; KALEONJY, G.; AL GHANEM, S.M.; AL HASAN, A.L.; DALLA, H.; BASHA S.; BASHA T. A methodological study on participatory barley breeding: II. Response to selection. **Euphytica**, n.133, p.185–200, 2003.

CENSO AGROPECUÁRIO 1995/1996. **Estabelecimentos por grupos de área total**. Santa Catarina, Brasil. Disponível em: <http://www.ibge.gov.br>. Acesso em: 13 de junho 2004.

CEPEDA, M.C.; SOUZA JR, C.L.; PANDEY, S.; LEON, L.N. Efeitos gênicos e oscilação genética associados à seleção recorrente intrapopulacional na população de milho SA3. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 35, n.8, p.1585 -1593, 2000.

CHAPMAN, S.C. & EDMANDES, G.O. Selection improves drought tolerance in tropical maize populations: II. Direct and correlated responses among secondary traits. **Crop Science**, v.39, p.1315-1324, 1999.

CHAVES, L.J. & MIRANDA FILHO, J.B. Plot size for progeny selection in maize (*Zea mays* L.). **Theoretical and Applied Genetics**. v.84, n.7-8, p. 963-970, 1992.

COCHRAN, W.G. & COX, G.M. **Diseños Experimentales**. México: Ed. Trilhas, 1980. p.653.

CROSBIE, T.M. & MOCK, J.J. Effects of recurrent selection for grain yield on plant and ear traits of five maize populations. **Euphytica**, v.29, p.57-64, 1980.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa: UFV, 2005, p.394.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 1ª ed., 1994, p.390.

CRUZ, C.D. & REGAZZI, A.J. **Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2ª ed., 2001, p.390.

DASH B.; SINGH, S.V.; SHAHI, J.P. Character association and path analysis in S₁ lines of maize (*Zea mays* L.). **Orissa J. Agri. Res.**, v.5, p.10-16, 1992.

DESTRO, D. & MONTALVÁN, R. **Melhoramento genético de plantas**. Londrina: ed. UEL, 1999, p.820.

DUARTE, J.O. **EMBRAPA Milho e Sorgo: Sistema de Produção**. 2004. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho/importancia.htm> Acesso em: 15 de Setembro 2004.

EMBRAPA. **Mercado do Milho no Brasil**. 2000. Disponível em: <http://www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/milho/mercado.htm> Acesso em: 20 de junho 2004.

FAKOREDE, M.A.B. & MOCK, J.J. Changes in morphological and physiological traits associated with recurrent selection for grain yield in maize. **Euphytica**, v.27, p.397-409, 1978.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV, Impr. Univ., 1981, 279p.

FAO. The State of the World's Plant Genetic Resource for Food and Agriculture. **Agricultural Production Indices**. 2004. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat>. Acesso em: 10 de junho 2004.

FAO. The State of the World's Plant Genetic Resource for Food and Agriculture. **Biodiversity for Food Security**. Rome – Italy, 2004. Disponível em: <http://www.fao.org>. Acesso em: 11 de junho 2004.

FAO. The State of the World's Plant Genetic Resource for Food and Agriculture. **Food Balance Sheets**. Rome 1991. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat>. Acesso em: 11 de junho 2004.

FAO. The State of the World's Plant Genetic Resource for Food and Agriculture. **Report on the State of the World's Plant Genetic Resources**. Rome 1996. Disponível em: <http://faostat.fao.org/faostat>. Acesso em: 13 de junho 2004.

FARIAS NETO, A.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic correlation between traits in the ESALQ-PB1 maize population divergently selected for tassel size and ear height. **Scientia Agricola**, v.58, n.1. p.119-123, 2001.

FEHR, W.R. **Principles of Cultivar Development: Theory and Technies**. Iowa State Univesity, 1987, p.536.

GAMA, E.E.G.; SANTOS, M.X.; FERRÃO, R.G; MEIRELES, W.F.; PACHECO, C.A.P.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O. Potencial genético de um sintético de milho de grãos duros para a formação de híbridos. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.33, n.4, p.615-619, 2003.

GERALDI, I.O. Estimação de parâmetros genéticos de variáveis do pendão em milho (*Zea mayz* L.) e perspectivas de melhoramento. Piracicaba, 1977. 119p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo.

GONZÁLEZ, P.A.; LEMOS, M.A.; RAMALHO NETO, C.E.; DOS REIS, O.V.; TABOSA, J.N.; TAVARES FILHO, J.J. Correlações genéticas, fenotípicas e ambientais em dois

ciclos de seleção no milho dentado composto. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.29, n.3, p.419-425, 1994.

GRANATE, M. J.; CRUZ, C. D.; PACHECO, C.A.P. Predição de ganho genético com diferentes índices de seleção no milho pipoca CMS-43. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.37 n.7, p.1001-1008, 2002.

CROSSA, J. & GARDER, C.O. Predicted and realized grain yield responses to full-sib family selection in CIMMYT maize (*Zea mays* L.) populations. **Theor. Appl. Genet.**, v.77, p.33-38, 1989.

GUSSEON, M.F. Melhoramento de milho em experiência participativa. In: SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. **Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, p.185.

GUZMAN, P.S. & LAMKEY, K.R. Effective population size and genetic variability in the BS11 maize population. **Crop Science**, v.40, p.338-346, 2000.

HAARMAN, R.J.; WHITE, D.G.; DUDLEY, J.W. Index vs. tandem selection for improvement of grain yield, leaf blight and stalk rot resistance in maize. **Maydica**, Bergamo, v.38, n.3, p.183 -188, 1993.

HALLAUER, A.R. & MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa State University Press, 1981, 468p.

HARTL, D.L. **A primer of population genetics**. Sunderland, Massachusetts: 2ed. 1988, p.297.

HOISINGTON, D.; KHAIRALLAH, M.; GONZÁLEZ DE LEÓN, D. **Laboratory Protocols: CIMMYT applied molecular genetics laboratory**. 2ed, México: CIMMYT, 1994, p.51.

HOLTHAUS, J.F. & LAMKEY, K.R. Response to selection and changes in genetic parameters for 13 plant and ear traits in two maize recurrent selection programs. **Maydica**, v.40, p.357-370, 1995.

IBGE. **Produção Agrícola Municipal (PAM)**. 2004. Disponível em: <http://www.sidra.ibge.gov.br> Acesso em: 13 de junho 2004.

ICEPA. Instituto CEPA/SC. **Estimativas do Instituto Cepa/SC (maio/2004)**. Disponível em: <http://www.ICEPA.rct-sc.br/> Acesso em: 13 de junho 2004.

KEERATINIJAKAL, V. & LAMKEY, K.R. Genetic effects associated with reciprocal recurrent selection in BSSS and BSCB1 maize populations. **Crop Science**, v.33: p.78-82, 1993.

KIRINO, P. Farmers and Food Security. IFA – FAO **Agriculture Conference**: Rome – Italy, 2003. Disponível em: <http://www.fao.org>. Acesso em: 15 de junho 2004.

LEMONS, M.A.; GOMES E GAMA, E.E.; DE OLIVEIRA, A.C.; DE ARAUJO, M.R.A. Correlações genotípicas, fenotípicas e ambientais em progênies de milho. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, 27(12); p.1563-1569, 1992.

LONNQUIST, J.H.; COMPTON, W.A.; GEADELMANN, J.L.; LOEFFEL, F.A.; SHANK, B.; TROYER, A.F. Convergent-Divergent Selection for Area Improvement in Maize. **Crop Science**, v.19, n.5, p.602-604, 1979.

LOUETTE, D.; CHARRIER, A.; BERTHAUD, J. *In situ* conservation of maize in México: genetic diversity and maize and seed management in a traditional community. **Econ. Bot.**, v.51, p.20-38, 1997.

MACAGNAN, I. Seleção entre e dentro de Progênies na população de milho (*Zea mays* L.) C.P.A 5202^A, sem sementes remanescentes. Dissertação de Mestrado. UFPEL. Pelotas. 1995.

MACHADO, A.T. Histórico do melhoramento genético realizado pelas instituições públicas e privadas no Brasil: um enfoque crítico. In: SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. **Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, p.185.

MACHADO, A.T. Resgate e conservação de germoplasma de milho realizado pelas instituições de pesquisa pública e sua interação com a agricultura familiar. In: SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. **Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade**. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, p.185.

MACHADO, A.T. & FERNANDES, M.S. Participatory maize breeding for low nitrogen tolerance. **Euphytica**, v.122, p.567-573, 2001.

MARTIN, T.N.; STORCK, L.; LÚCIO, A.D.; CARVALHO, M.P.; SANTOS, P.M. Bases genéticas de milho e alterações no plano experimental. **Pesquisa agropecuária brasileira**, Brasília, v.40, n.1, p.35-40, 2005.

MATTA, F.P. & VIANNA, J.M.S. Eficiências relativas dos processos de seleção entre e dentro de famílias de meios-irmãos em população de milho-pipoca. **Ciência Agrotecnologia**, Lavras. v.27, n.3, p.548-556, 2003.

MINISTÉRIO DA AGRICULTURA E DO ABASTECIMENTO. **Descritores mínimos de milho (*Zea mays* L.)**. Sistema de proteção de cultivares.

MIRANDA FILHO, J.B. Princípios de experimentação e análise estatística. In: PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e produção de milho**. Campinas, Fundação Cargill, 2ed, 1987, p.795.

OGLIARI, J.B; ALVES, A.C.; FONSECA, J.A.; BALBINOT, A. **Relatório Final Técnico – Científico**, Processo nº 420007/2001-6. Análise Genética da Diversidade e Caracterização Fenotípica de *Zea mays* L. e *P. vulgaris* de Santa Catarina. 2004a.

OGLIARI, J.B; ALVES, A.C.; KIST, V.; FONSECA, J.A.; BALBINOT, A. Análise da diversidade genética de variedades locais de milho do Extremo Oeste de Santa Catarina In: Anais do III Congresso Brasileiro de Agroecologia (CBA). Porto Alegre, CBA, 2004 (cd rom)

OTTAVIANO, E. & CAMUSSI, A. Phenotypic and genetic relationships between yield components in maize. **Euphytica**, v.30, p.601-609, 1981.

PACHECO, C.A.P.; SANTOS, M.X.; CRUZ, C.D.; PARENTONI, S.N.; GUIMARÃES, P.E.O.; GAMA, E.E.G.; SILVA, A.E.; CARVALHO, H.W.L.; VIEIRA JR, P.A. Inbreeding depression of 28 maize elite open pollinated varieties. **Genetics and Molecular Biology**, v. 25, n. 4, p.441-448, 2002.

PATERNIANI, E. & CAMPOS, M.S. Melhoramento do Milho. In: Borém, A. **Melhoramento de espécies cultivadas**. Viçosa: UFV, 1999, p.817.

PATERNIANI, E. & VENCOVSKY, R. Reciprocal recurrent selection based on half sib progenies and PROLic plants in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.23, p.209-219, 1978.

PATERNIANI, E. & VIÉGAS, G.P. **Melhoramento e Produção de Milho**. Campinas – SP: Fundação Cargill. v.1, 1987, p.409.

PATERNIANI, E. Fatores que Afetam a Eficiência da Seleção nas Plantas. Actas IV Congr. Latinoam. **Genética**. v.2, p.37–43, 1980.

PATERNIANI, E. **Melhoramento e Produção de Milho**. Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, 1978, p.650.

PATERNIANI, E.; NASS, L.L.; SANTOS, M.X. **O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil**. Paralelo 15, 2000, p.136.

PATERNIANI, M.E.A.G.Z. Use of Heterosis in Maize Breeding: History, Methods and Perspectives – A Review. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, n.2, p.159 - 178, 2001.

PAULA, R.C.; PIRES, I.E.; BORGES, R.C.G.; CRUZ, C.D. Predição de ganhos genéticos em melhoramento florestal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 37, n. 2, p.159-165, 2002.

PEREIRA, M.G. & AMARAL JR, A.T. Estimation of Genetic Components in Popcorn Based on the Nested Design. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 1, n. 1, p.3-10, 2001.

PIMENTEL, F.G. & GARCIA, C.H. **Estatística Aplicada a Experimentos Agronômicos e Florestais: exposição com exemplos e orientações para uso de aplicativos**. Piracicaba: FEALQ, 2002, p.309.

QUEIROZ, M.A. Correlações genéticas e fenotípicas em progênies de meios irmãos de milho (*Zea mays* L.) e suas implicações com o melhoramento. Piracicaba, 1969. 80p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo.

REGINATO NETO, A.; NASS, L.L.; MIRANDA FILHO, J.B. Potential of twenty exotic germplasms to improve Brazilian maize architecture. **Braz. J. Genet.**, v.20, n.4, versão on-line, 1997.

RESENDE, M. D. V. & SOUZA JR, C.L. Número de Repetições e Tamanho da Parcela para Seleção de Progênes de Milho em Solos sob Cerrado e Fértil. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, n 8, 1997.

RICE, E.; SMALE, M.; BLANCO, J.L. Farmers' Use of Improved Seed Selection Practices in Mexican Maize: Evidence and Issues from the Sierra de Santa Marta. **World Development**, v. 26. n. 9. p.1625-1640, 1998.

ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E.; HARVEY, P.H. Genotypic and phenotypic correlation in corn and their implications in selection. **Agronomy Journal**, v.43, n.6, p.282-287, 1951.

RODRIGUES, M.C.; VALVA D'AYALA, F.; BRASIL, E.M.; CHAVES, L.J. Comparison among Inbreeding Systems in Maize. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v.1, n. 2, p.105-114, 2001.

SANTOS, M.F.; MORO, G.V.; AGUIAR, A.M.; SOUZA JR, C.L. Responses to reciprocal recurrent selection and changes in genetic variability in IG-1 and IG-2 maize populations. **Genetics and Molecular Biology**, v.28, n.4, p.781-788, 2005.

SANTOS, P.G.; JULIATTI, F.C.; BUIATTI, A.L.; HAMAWAKI, O.T. Avaliação do desempenho agrônomo de híbridos do milho em Uberlândia, MG. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.27, n.5, p.597-602, 2002.

SEARLE, S.R. **Linear models**. Nova York, John Wiley, 1971, p.532.

SHUETZ, S.H. & MOCK, J.J. Genetics of tassel branch number in maize and its implications for a selection program for small tassel size. **Theor. Appl. Genet.**, v.53, p.265-271, 1978.

SILVA, A.R. Análise Genética de Variáveis Quantitativos em Milho com o Delineamento III e Marcadores Moleculares. Piracicaba, 2001. 154p. Dissertação (Mestrado) – Escola Superior de Agricultura “Luiz Queiroz”, Universidade de São Paulo.

SILVA, A.R.; SOUSA JR, C.L.; AGUIAR, A.M.; SOUZA, A.P. Estimates of genetic variance and level of dominance in a tropical maize population. I. Grain yield and plant traits. **Maydica**, v.49, p.65-71, 2004.

SILVA, B. de M. ENMC – pesquisa participativa e agricultura familiar no resgate de variedades locais. **In:** SOARES, A.C.; DE MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, p.185.

SILVA, E.S.; LIMA E SILVA, P.S.; NUNES, G.H. DE S.; BARBOSA E SILVA, K.M. Estimação de parâmetros genéticos no composto de milho ESAM-1. **Caatinga**, 12(1/2): p.43-52, 2001.

SMALE, M.; BELLON, M.R.; AGUIRRE, J.A.; MANUEL ROSAS, I.; MENDOZA, J.; SOLANO, A.M.; MARTÍNEZ, R.; RAMÍREZ, A.; BERTHAUD, J. The economic costs and benefits of a participatory project to conserve maize landraces on farms in Oaxaca, Mexico. **Agricultural Economics**: (29) p.265–275, 2003.

SNEDECOR, G.W. & COCHRAN, W.G. **Statistica / Methods**. 6 ed, Iowa, USA, The Iowa State University Press, 1967, 593 p.

SOARES, A.C. Resgate e conservação. **In:** SOARES, A.C.; MACHADO, A.T.; VON DER WEID, J.M. Milho Crioulo: conservação e uso da biodiversidade. Rio de Janeiro, AS-PTA, 1998, p.185.

SOUZA JR, C.L. & MIRANDA FILHO, J.B. Genetic variability in two maize (*Zea mays* L.) populations and its relationship with intra – and interpopulation recurrent selection. **Rev. Brasil. Genet.**, n.12, p.271–285, 1989.

SOUZA JR, C.L. & PINTO, R.M.C. Responses to a short-term reciprocal recurrent selection procedure in maize. **Maydica**, v. 45, p.21-28, 2000.

SOUZA JR, C.L. Comparisons of Intra-, Interpopulation, and Modified Recurrent Selection Methods. **Rev. Brasil. Genet.**, v.16, n.1, p.91 – 105, 1993.

SOUZA JR, C.L. Memórias da XVII Reunión Latinoamericana del maíz. Cartagena de Indias: Corpoica/CIMMYT, 1997. **In:** XVII Reunión Latinoamericana del maíz, Cartagena Indias. p. 37-58, 1998.

SOUZA JR, C.L.; GERALDI, I.O.; VENKOVSKY, R. Response to recurrent selection under small effective population size. **Genetics and Molecular Biology**, 23, 4, p.841–846, 2000.

STOJSIN, D. & KANNENBERG, L.W. Genetic changes associated with different methods of recurrent selection in 5maize populations.2. Indirectly selected traits. **Crop science**, 34(6): p.1473-1479, 1994.

TYAGI, A.P.; POKHARIYAL, G.P.; ODONGO, O.M. Correlation and path coefficient analysis for yeld components and maturity traits in maize (*Zea mays* L.). **Maydica**, v.33, p.109-119, 1988.

UDRY, C. V. Uma História Brasileira do Milho – o valor dos recursos genéticos. Brasília. In: Paterniani, E.; Nass, L.L.; Santos, M.X. O Valor dos Recursos Genéticos para o Brasil. Paralelo 15, 2000, p.136.

VENCOVSKY, R. & BARRIGA, P. **Genética Biométrica no Fitomelhoramento**. Ribeirão Preto – SP. Revista Brasileira de Genética, 1992, p.496.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: Paterniani, E. **Melhoramento e Produção de Milho**. Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, 1978, p.650.

VENCOVSKY, R.; MIRANDA FILHO. J.B.; SOUZA JÚNIOR, C.L. Quantitative genetics and com breeding in Brasil. In: International Conference on Quantitative Genetics, 2 Raleigh, 1987. Proceddings. Sunderland: Sinauer Associates, 1988, p.465-477.

VIANNA. R.T.; GOMES, E.E.; NASPOLINI FILHO, V. Inbreeding Depression of Several Introduced Populations of Mayze (*Zea mays* L.). **Maydica**, XXVII, p.151–157, 1982.

VIÉGAS, G.P. & MIRANDA FILHO, J.B. Milho Híbrido. In: Paterniani, E. **Melhoramento e Produção de Milho**. Piracicaba – ESALQ: Fundação Cargill, Marprint, 1978, p.650.

VILARINHO, A.A.; VIANA, J.M.S.; SANTOS, J.F.; CÂMARA, T.M.M. Melhoramento Genético Vegetal: Eficiência da seleção de progênies S1 e S2 de milho-pipoca, visando à produção de linhagens. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.1, p.9-17, 2003.

VOGT, G.A. A dinâmica do uso e manejo de variedades locais de milho em propriedades agrícolas familiares. Florianópolis, 2005. 102p. Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal de Santa Catarina.

WEYHRICH, R.A., LAMKEY, K.R.; HALLAUER, A.R. Responses to seven methods of recurrent selection in the BS11 maize population. **Crop Science**, v.38, p. 308-321, 1998.

WOLF, D.P.; PATERNELLI, L.A.; HALLAUER, A.R. Estimates of genetic variance in an F₂ maize population. **The Journal of Heredity**, v.95, n.5, p.384-391, 2000.

ZEVEN, A.C. Landraces: A review of definitions and classifications. **Euphytica**, 104 (2): p.127-139, 1998.

ZEVEN, A.C. Traditional maintenance breeding of landraces: 2. Practical and theoretical considerations on maintenance of variation of landraces by farmers and gardeners. **Euphytica**, 123: p.147–158, 2002.

ANEXOS

Anexo 1 - Abreviaturas das Variáveis Avaliadas na População de Milho MPA1 e suas Respectivas Formas de Avaliação

Abreviatura	Variável	Forma de avaliação
AES	Altura de espiga	⁽²⁾ Com uma régua graduada (cm), na fase de grão leitoso foi medido o segmento que compreende entre a base da planta até a inserção da espiga principal;
ALC	Ângulo médio entre a nervura central da lâmina foliar e o caule	⁽²⁾ No estágio fenológico inicial de antese, com um transferidor graduado foi medido em graus o ângulo entre a lâmina foliar e o caule na primeira folha acima da espiga principal;
APL	Altura média de plantas	⁽²⁾ Com uma régua graduada (cm), na fase de grão leitoso foi medido o segmento que compreende entre a base da planta até o ápice pendão;
CES	Comprimento médio de espiga	⁽²⁾ Comprimento medido em cm com o paquímetro;
CIC	Número de dias da emergência até o florescimento masculino	⁽²⁾ Contagem dos dias quando mais de 50% das plântulas da unidade experimental haviam emergido, até que mais de 50% das plantas estavam liberando pólen;
DCO	Diâmetro médio de colmo	⁽²⁾ No estágio de grão leitoso, com um paquímetro foi medido o diâmetro do colmo (cm) no terço médio do entrenó imediatamente abaixo da espiga principal;
DFG	Direção média das fileiras de grãos na espiga	⁽¹⁾ Avaliado a partir de uma escala de notas, atribuindo-se 1 para fileiras retas, 2 para as levemente inclinadas, 3 para as em espiral e 4 para as irregulares;

Abreviatura	Variável	Forma de avaliação
EMP	Empalhamento médio	⁽¹⁾ Foi avaliado a partir de uma escala de notas, sendo: 1 para empalhamento frouxo e 2 para compacto;
FES	Forma média de espiga	⁽¹⁾ Avaliada a partir do uso de uma escala de notas: atribuindo 1 para espigas cônicas, 2 para cônica/cilíndrica e 3 para cilíndrica;
GEMP	Grau médio de empalhamento	⁽¹⁾ Foi avaliada a partir da atribuição de uma escala de notas, sendo 1 para espigas com empalhamento aberto ou seja, com os grãos visíveis; 2 parcialmente abertas e 3 para espigas bem empalhadas, ou seja, totalmente fechadas;
NEC	Número de espigas colhidas	Contabilidade das espigas colhidas.
NFG	Número médio de fileiras de grãos por espiga	⁽²⁾ Avaliado a partir da contagem do número de fileiras;
NGF	Número médio de grãos por fileira	⁽²⁾ Valor médio estabelecido a partir da contagem do número de grãos de duas fileiras aleatoriamente;
NPC	Número de plantas colhidas	Contabilidade das plantas colhidas;
PEC	Posição média da espiga na colheita	⁽¹⁾ Variável medida no momento da colheita a partir de uma escala de notas atribuindo-se 1 para espigas em posição ereta, 2 para oblíqua e 3 pendida;

Abreviatura	Variável	Forma de avaliação
PROD	Produtividade	Valor estimado em kg ha ⁻¹ a partir do total de grãos produzidos por parcela útil, com umidade padronizada a 13%;
PROL	Prolificidade	⁽²⁾ Foi estimada a partir do quociente entre o número de espigas colhidas e o número de plantas colhidas;
QRA	Quantidade média de raízes adventícias	⁽³⁾ Avaliada no estágio fenológico de meia antese a partir de uma escala de nota, atribuindo-se: 1 para plantas que não possuíam raízes adventícias; 3 para plantas com uma camada; 5 para plantas com duas camadas e 7 para plantas que possuíam mais de duas camadas de raízes adventícias;
RSP	Número médio de ramificações secundárias	⁽²⁾ Ao final da antese foi efetuada a contagem do número de ramificações secundárias do pendão.

⁽¹⁾ De acordo com os descritores Mínimos do Milho – SNPC; ⁽²⁾ De acordo com os descritores Mínimos do Milho – SNPC porém, com modificações; ⁽³⁾ De acordo com critérios estabelecidos pelo autor desse trabalho.